

TRABAJO DE FIN DE GRADO

Grado en *Enginyeria Electrònica Industrial i Automàtica*

DISEÑO DE UNA APLICACIÓN PARA EL TRATAMIENTO DE IMÁGENES DERMATOSCÓPICAS



Memoria i Anexos

Autor: Antoni Matas Crespi
Director: Beatriz F. Giraldo Giraldo
Convocatoria: Mayo 2018



Resumen

Esta memoria recoge el diseño de una aplicación para la clasificación de imágenes dermatoscópicas en función de si contienen nevos comunes benignos o melanomas. Para llevar a cabo este proyecto se ha realizado un estudio previo de la enfermedad y de las técnicas de detección y diagnóstico de ésta.

Tras la realización de un análisis de varios de los sistemas de diagnóstico por ordenador del melanoma descritos en la actualidad, se ha implementado un completo algoritmo que adquiere las características de la lesión y las parametriza para dar lugar a un clasificado de imagen binario de malignidad.

Con la ayuda de dos bases de datos de imágenes dermatoscópicas, *PH2 Dataset* y *ISIC Archive*, se ha desarrollado el análisis y evaluación de la aplicación. Teniendo en cuenta la limitación funcional de estar diseñado para estas resoluciones y magnificaciones de imagen, se ha podido extraer una sensibilidad del 97.5% acompañada de una especificidad nada despreciable del 62.5%.

Resum

Aquesta memòria recull el disseny d'una aplicació per a la classificació d'imatges dermatoscòpiques en funció de si contenen nevus comuns benignes o melanomes. Per a dur a terme aquest projecte s'ha realitzat un estudi previ de la malaltia i de les tècniques de detecció i diagnòstic d'aquesta.

Un cop realitzat una anàlisi de diversos dels sistemes de diagnòstic per ordinador del melanoma descrits en l'actualitat, s'ha implementat un complet algorisme que obté les característiques de la lesió i les parametriza per donar lloc a un classificat d'imatge binari de malignitat.

Amb l'ajuda de dos bases de dades d'imatges dermatoscòpiques, *PH2 Dataset* i *ISIC Archive*, s'ha desenvolupat l'anàlisi i avaluació de l'aplicació. Tenint en compte la limitació funcional d'haver estat dissenyat per a aquestes resolucions i magnificacions d'imatge, s'ha pogut extreure una sensibilitat del 97.5% acompanyada d'una especificitat gens menyspreable del 62.5%.

Abstract

This report contemplates the design of application for the classification of dermoscopic images according to whether they contain benign common nevi or melanomas. In order to implement this project, a preliminary study of the disease, its detection and its diagnostic techniques have been carried out.

Once analyzed several computer-aided melanoma diagnosis systems described recently, a complete algorithm that obtains the features of the lesion and parametrizes them in order to obtain a binary malignity classification has been implemented.

Through two dermoscopic image database, *PH2 Datasest* and *ISIC Archives*, an analysis and evaluation of the application has been developed. Having in mind the functional limitations of being mainly designed for these particular image resolutions and magnifications, we confirm a great a sensibility of 97.5% accompanied by an also particularly good specificity of 62.5%.

Agradecimientos

Para empezar, querría dar las gracias a la profesora Beatriz Giraldo por no dudar en tutorizar este proyecto, sin su apoyo no habría sido posible la realización del mismo.

Seguidamente se lo agradezco profundamente a mi padre, a mi hermana y sus dos pequeños “terrores”, y al resto de familia que me apoya desde Mallorca y desde Rubí. Doy gracias también a Lledó, pilar indispensable de este trabajo por su aportación de conocimiento dermatológico y sobre todo por su apoyo incondicional. También a la persona que me ha dado caña desde que me embarqué en esta nueva etapa en Barcelona, y que siento que no haya podido ver terminado este proyecto. Gracias, Bàrbara.

Muy especial agradecimiento a mi madre, por su inigualable inversión en mi formación académica y personal. Muchísimas gracias por la paciencia, tiempo y apoyo que le has dado a este proyecto de ingeniero.

Índex

RESUMEN	2
RESUM	3
ABSTRACT	4
AGRADECIMIENTOS	5
Índex de figuras	8
Índex de tablas.....	9
1. INTRODUCCIÓN	10
1.2. Objetivos del trabajo	10
1.3. Alcance del trabajo	11
2. ESTADO DEL ARTE	13
2.1. Introducción a la dermatoscopia.....	14
2.2. El melanoma i su detección.....	14
2.3. Automatización en la detección del cáncer de piel.	17
3. MODELOS DE DIAGNOSIS DEL MELANOMA	19
3.1. Estudio de los criterios de clasificación	19
Primer criterio.....	19
Segundo criterio	21
Tercer criterio	22
3.2. Evaluación de los criterios	22
4. METODOLOGÍA	24
4.1. Técnicas de tratamiento de la imagen y programación.	24
Transversales	24
4.1.1. Bloque Inicial.....	24
Parametrizado.	26
Clasificación	29
4.2. Parámetros a cuantificar	30
5. DISEÑO DE LA APLICACIÓN	31
5.1. Estudio de los entornos de programación	31
5.2. Codificación.....	31

5.2.1.	Primer Bloque.....	32
5.2.2.	Segundo bloque.....	38
5.2.3.	Bloque final.....	44
5.3.	Guía de usuario	45
6.	EVALUACIÓN DE LA APLICACIÓN.	46
6.1.	Resultados PH2-Dataset	46
6.2.	Resultados ISIC-Archive	47
6.3.	Valoración de resultados	47
7.	ANÁLISIS DEL IMPACTO SOCIOAMBIENTAL	48
	CONCLUSIONES	49
	PRESUPUESTO	51
	BIBLIOGRAFÍA	52

Índex de figures

Figura 2.1.- Evolución de la incidencia del cáncer de piel en E.U.A. tipo melanoma.....	13
Figura 2.2 - Supervivencia al melanoma según estadio de diagnosis.....	15
Figura 2.3- Melanomas con características asimétricas e irregularidades.....	16
Figura 2.4- Comparación de la exploración dermoscópica y la clínica en lesiones pigmentadas.....	17
Figura 2.5- Captura de funcionamiento de la aplicación SkinVision©.....	18
Figura 3.1. Estudio de la asimetría (A) y representación del estudio de los bordes (B)...	20
Figura 3.2. Estudio de la coloración (A) y de la presencia de patrones (B)...	20
Figura 3.3. Segunda parte del criterio de Menzies de patrones.	21
Figura 3.4. Algoritmo de Chaos and Clues.....	22
Figura 4.1. Demostración de histograma.....	25
Figura 4.2. Variables geométricas obtenidas en [12]... ..	26
Figura 4.3. Implementación del estudio de bordes por Jaworek.....	28
Figura 5.1. Algoritmo general.	30
Figura 5.2. Separación por canales de la imagen original.	32
Figura 5.3. Diferentes representaciones de los canales de la imagen.	33
Figura 5.4. Representación modificada de las máscaras aplicadas.....	33
Figura 5.5. Eliminación de las interferencias de las esquinas.	34
Figura 5.6. Contraste de la lesión.	34
Figura 5.7. Aplicación de binarizado por método del histograma.....	35
Figura 5.8. Aplicación de binarizado por método de Otsu.....	36
Figura 5.9. Algoritmo de post procesamiento.....	36
Figura 5.10. Muestra de la función imclearborder.....	37
Figura 5.11. Muestra de la función imfill.....	37
Figura 5.12. Lesión frente a polígono convexo.....	38
Figura 5.13. Visualización de la distancia entre centroides.	39
Figura 5.14. Paso a paso del algoritmo de cálculo de la asimetría.	40
Figura 5.15. Visualización del proceso de cálculo de la irregularidad en los bordes.	40
Figura 5.16. Algoritmo del cálculo de la irregularidad de bordes y resumen	41
Figura 5.17. Primeros pasos para la obtención del retículo pigmentado	42
Figura 5.18. Proceso final para la obtención del retículo pigmentado.	43
Figura 5.19. Figura display de resultados.....	44

Índex de tablas

Tabla 3.1. Precisión de los criterios estudiados.....	23
Tabla 4.1. Resumen de los parámetros a cuantificar.....	31
Tabla 5.1. Procesos morfológicos en imágenes binarios.....	37
Tabla 5.2. Propiedades de <i>regionprops</i>	38
Tabla 6.1. Resultados del análisis del funcionamiento con PH2 <i>dataset</i>	46
Tabla 6.2. Resultados del análisis del funcionamiento con ISIC- <i>Archive</i>	47

1. Introducción

Desde que fue posible capturar y mostrar imágenes mediante los ordenadores, la sociedad ha buscado un futuro dónde éstos recibirían un conjunto de imágenes o señales médicas y generarían un diagnóstico. El crecimiento exponencial de la información médica reclama una mayor eficiencia, se enfatiza la importancia de la automatización del análisis. Aunque este nivel de autosuficiencia parezca lejano, se producen muchos avances que nos acercan hacia el objetivo de una detección y diagnosis asistida por ordenador [1].

En el campo de la dermatología se pueden encontrar gran variedad de aplicaciones y procedimientos automáticos, cada vez más complejos y precisos, que buscan una mejora en la detección precoz del cáncer de piel.

Éste trabajo busca ser una herramienta destinada a la detección precoz del melanoma y un pequeño paso más para el estudio y la implementación de este tipo de sistemas.

1.2. Objetivos del trabajo

El objetivo principal de este proyecto es la creación de una aplicación de software capaz de evaluar ciertas características de las imágenes dermatoscópicas, y determinar si existen indicios de melanoma en éstas.

A partir de imágenes de lesiones dérmicas, se definirán algunos parámetros que permitan diferenciar entre formas, tonos, etc. Se diseñarán algoritmos que permitan clasificar de forma automática estas diferencias.

Los objetivos específicos a enfocar serían los siguientes:

- Realizar un estudio de la del melanoma y sus formas de detección y diagnosis,
- Definir los criterios y modelos de detección propuestos por la dermatología.
- Implementar la aplicación mediante técnica de procesado de imagen.
- Evaluar la precisión de la aplicación mediante una selección de imágenes dermatoscópicas.

1.3. Alcance del trabajo

En este proyecto se propone la aplicación y valoración de un conjunto de técnicas dedicadas a la detección del melanoma mediante imágenes dermatoscópicas. Aunque el principal objetivo es la funcionalidad del sistema, cabe destacar que el grueso de éste es la valoración y prueba de las técnicas aplicadas.

La metodología adoptada incluye una documentación especialmente rigurosa de la vertiente médico-clínica del trabajo para poder adaptar la aplicación lo mejor posible a las últimas y más fiables formas de detección tanto automatizada como profesional. Para tal propósito se ha contactado con la Dra. Susana Puig, un referente mundial en el campo de la detección y tratamiento del melanoma.

2. Estado del arte

Estos últimos años se ha estado produciendo un aumento de la incidencia del cáncer de piel en el mundo occidental. No se han podido establecer las causas del todo, sin embargo, se puede deber a varias situaciones, cambios en el comportamiento humano, en el ambiente terrestre o por una detección cada vez más precoz [2]

Nos encontramos con que en los últimos 30 años ha habido más gente con cáncer de piel que los afectados por todos los demás tipos de cáncer en conjunto. De entre los tipos de cáncer de piel, el menos común, pero con diferencia el más peligroso es el melanoma. Este tipo de cáncer, aunque forma menos del 1% de los casos de cáncer de piel, es el causante de la mayoría de muertes por este tipo de enfermedades [3]. En la figura vemos el índice de la afectación del melanoma en la población estadounidense entre 1975 y 2013.

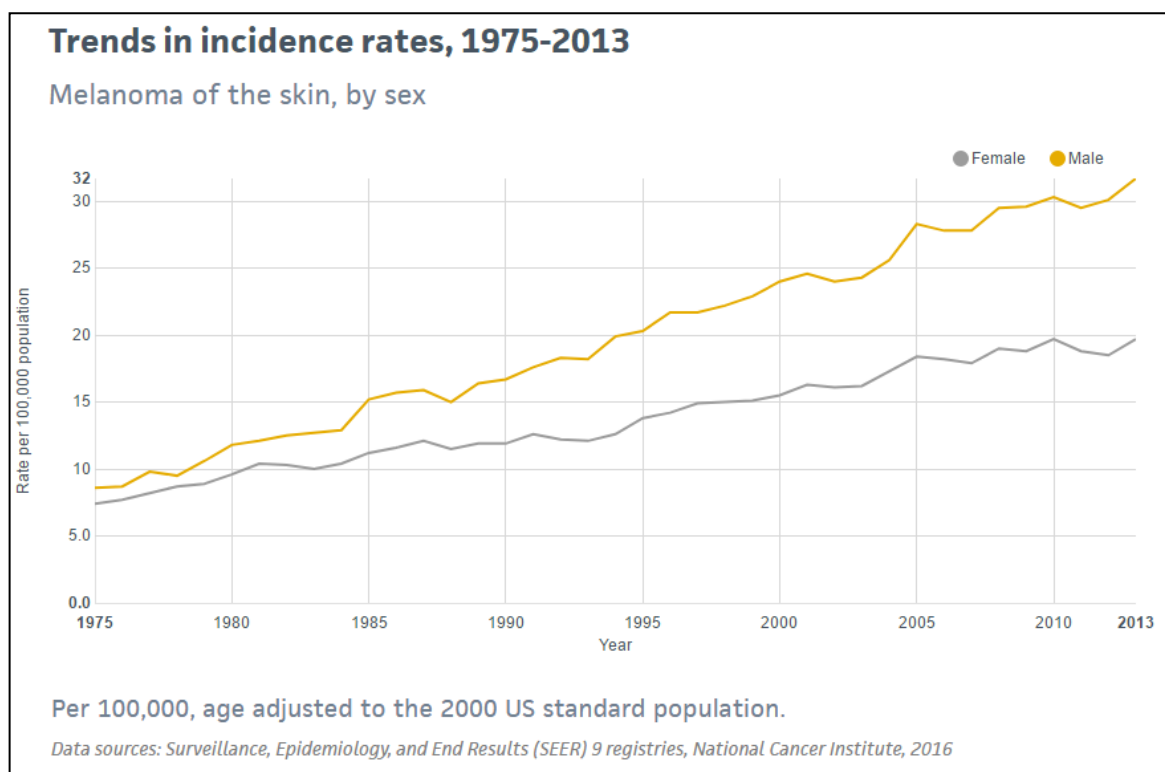


Figura 2.1.- Evolución de la incidencia del cáncer de piel en E.U.A. tipo melanoma (Fuente: [3])

Una de las principales causas de la alta mortalidad del melanoma es, como en la mayoría de cánceres, la detección tardana. Ésta, sin embargo, tiene una afectación especial dado que pueden pasar desapercibidos o confundirse con otras lesiones en la piel de peligrosidad nula.

2.1. Introducción a la dermatoscopia

Con el objetivo de mejorar la detección de esta enfermedad, y desde un aumento de la concienciación ciudadana, se han adoptado medidas y han nacido nuevas tecnologías para facilitar el trabajo de los dermatólogos y de los profesionales de los centros de atención primaria [4].

En este contexto, introduciremos el término dermatoscopia para describir las diferentes formas de monitoreo y obtención de imágenes de lesiones de la piel. Se aplica principalmente para diagnosticar y estudiar casos de lesiones pigmentadas susceptibles de estar asociadas al cáncer de piel.

Sin embargo, también se usa para diagnosticar otras condiciones como son, por ejemplo, la psoriasis, liquen plano, dermatofibroma, la enfermedad de Darier, la alopecia cicatricial, la queratosis seborreica, urticarialvasculitis, etc [5].

2.2. El melanoma i su detección

De entre las lesiones que pretende estudiar la dermatoscopia destacamos el melanoma por su alta mortalidad y el impacto que podría tener una detección precoz de este.

El melanoma es un tipo de cáncer que se origina en los melanocitos, unas células situadas en la capa más interior de la epidermis. Estas células son las que se encargan de producir melanina, un pigmento situado principalmente en la piel pero que también podemos encontrar en el pelo, la medula espinal y algunas zonas interiores del cerebro.

Éste pigmento es conocido por determinar el color de nuestra piel. La concentración en los tejidos cutáneos viene dada por la genética y presenta variaciones agrupadas en los diferentes grupos étnicos.

Lejos de su papel como determinante del tono de piel humana, la melanina juego un papel muy importante en la protección frente a radiación UV (ultravioleta). Mediante ella podemos absorber hasta cierta radiación nociva que de otra manera seria capaz de causar lesiones en el ADN (ácido desoxirribonucleico) de nuestras células [6].

Precisamente de estas lesiones en el ADN debemos culpar la mutación de células sanas en células tumorales como las del melanoma. En términos generales, los cánceres son debidos a mutaciones en los genes de la célula que controla la reproducción de estos, si se elimina el gen que suprime la frecuencia de mitosis, crecerán incontroladamente originando aun mas células mutadas.

Una vez establecida una proliferación tumoral se dan varios estados de crecimiento e invasión en función del tipo de célula originaria. Esta invasión, también nombrada metástasis, se da con gran frecuencia en los melanomas y es el estado más mortal de los carcinomas. En el estadio IV, metástasis del melanoma, la supervivencia ronda el 15-20% a los 5 años [3]. En la siguiente figura se expone la supervivencia en función del estado del melanoma en el momento de la diagnosis.

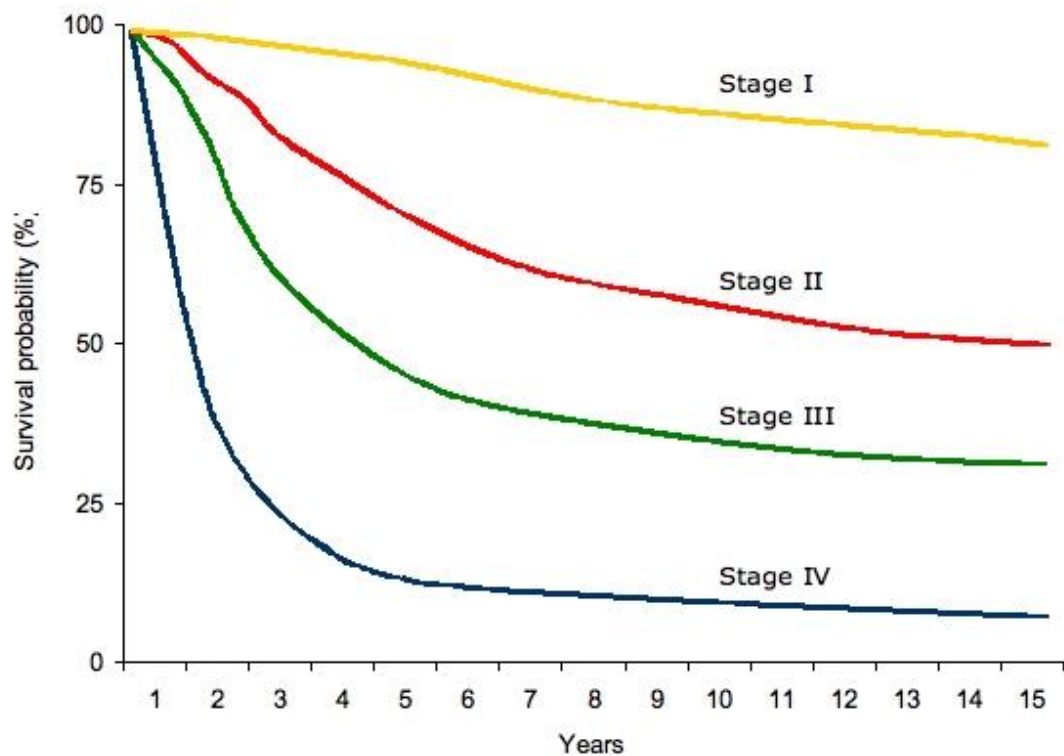


Figura 2.2- Supervivencia al melanoma según estadio de diagnosis.

Con tal de reducir la mortalidad debemos detectar con anticipación estos tumores. Aunque parezca que los tumores a flor de piel deberían ser fácilmente controlables, a veces pasan desapercibidos. Esto es debido a que los melanocitos se encuentran principalmente en la capa mas inferior de la epidermis, y debido a su crecimiento tumoral irregular pueden formar estructuras iceberg que muestren aspecto y tamaño de nevus común en la piel.

En este punto aparecen las formas de detección del melanoma. El procedimiento más típico de detección actualmente empieza en casa, mediante un control de lunares más o menos constante y algunos indicadores clave de riesgo, como son el crecimiento irregular i rápido de la lesión, un color extraño o la aparición súbita de ellas. En caso de mínima sospecha se debe llevar a cabo una consulta clínica en un centro primario o servicio dermatológico. En la siguiente figura vemos ejemplos de melanomas.



Figura 2.3- Melanomas con características asimétricas e irregularidades (Fuente:[7])

Una vez realizada una exploración clínica y determinada la peligrosidad de una lesión se realiza un estudio dermatopatológico, esto es realizar la biopsia de un corte de la lesión. Aunque sea capaz de confirmar con suficiente seguridad si la lesión es maligna, no es un procedimiento que se pueda realizar a la ligera en todas las lesiones susceptibles de ser un melanoma.

Por este motivo se añade un paso entremedio de la exploración clínica y la patológica, es la exploración con microscopia de epiluminiscencia [8]. Esta exploración es realizada normalmente por dermatólogos mediante un dermatoscopio, un dispositivo que minimiza la luz reflejada en las capas superiores de la piel y permite, de forma no invasiva, obtener una imagen más profunda de la lesión.

Mediante esta técnica y un aumento óptico considerable se consiguen distinguir ciertas características que nos dan una idea de la peligrosidad de la lesión.

La figura 2.4 es un ejemplo de ésta técnica, en ella se observan dos casos que a ojo parecen similares, sin embargo, mediante dermoscòpia (imágenes b y d) se identifican unas estructuras diferenciadas. Según los criterios de detección es sabido que el patrón resaltado de la segunda imagen es un indicador específico de melanoma. Una vez realizada la biopsia se pudo confirmar que mientras la primera lesión es un lunar común, la segunda se trataba de un melanoma.

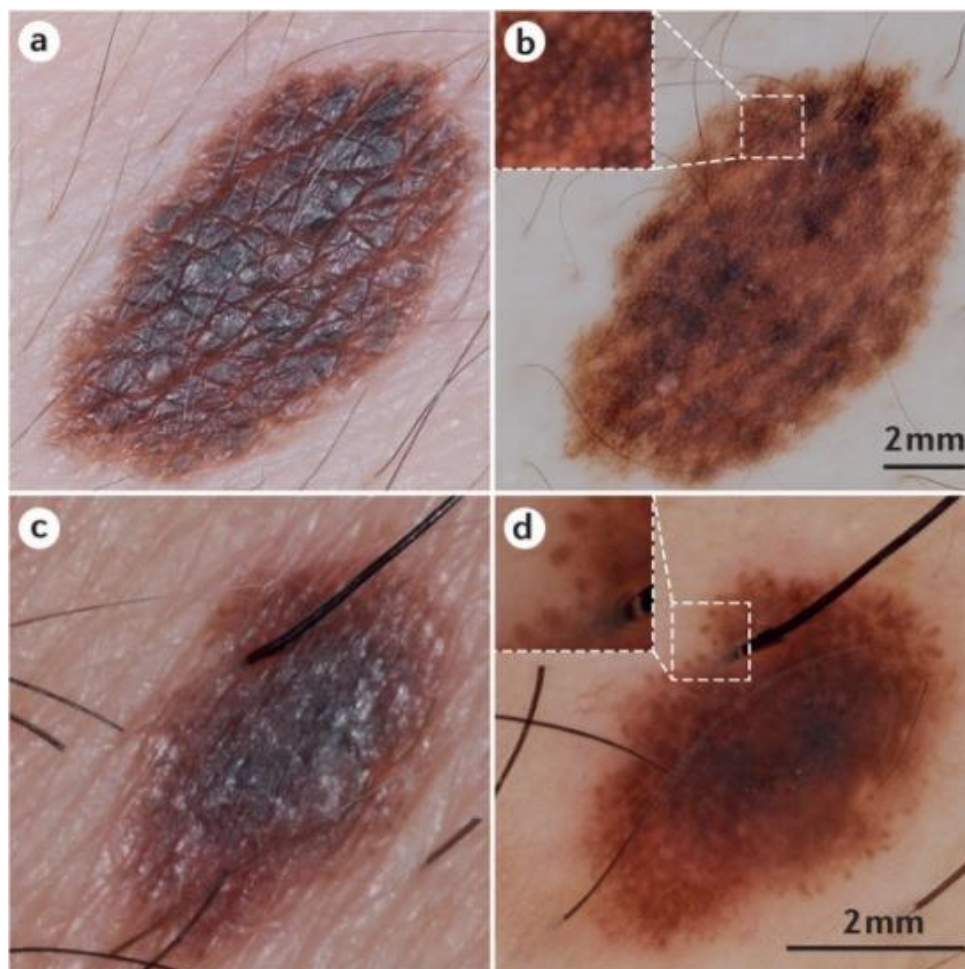


Figura 2.4- Comparación de la exploración dermoscópica y la clínica en lesiones pigmentadas. (Fuente: [9])

Aunque sea un ejemplo puntual que da una idea del nivel de diferenciación en el diagnóstico que se obtiene mediante epiluminiscencia.

2.3. Automatización en la detección del cáncer de piel.

Gracias al aumento del uso de los dispositivos dermatoscópicos ha proliferado el estudio e implementación de sistemas de diagnóstico asistido por ordenador con el propósito de dar apoyo a las decisiones de los dermatólogos y poder detectar fácilmente casos sospechosos. También pueden ser usados por médicos con poca experiencia como herramienta alternativa para realizar una evaluación preliminar y mejorar el seguimiento de los pacientes [10]. Estos sistemas pueden ser divididos a grandes rasgos en dos grupos principales dependiendo del procedimiento de extracción de características de las imágenes.

El primer grupo trata de mimetizar la labor de los dermatólogos extrayendo las mismas características se estudian en la diagnosis médica (por ejemplo, colores, simetría, estructuras atípicas. El otro grupo, en cambio, se basa en un reconocimiento estadístico de patrones y aprendizaje autónomo aplicadas a características de imagen estándar (por ejemplo, colores y texturas) [11].

J. Fernandez-Alcon et al. [12] presentan un sistema automático para la inspección de lesiones pigmentadas de la piel, de especial interés pues incluye información de contexto de la imagen (edad y sexo del paciente, parte afectada, etc.). Su trabajo se incluiría en el primer grupo, al igual que el de M. Celebi et al. [13] que propone la obtención de varios parámetros asociados a los criterios típicos de dermatoscopia, para después seleccionar y evaluar cada uno de ellos mediante aprendizaje automático.

Un ejemplo de reconocimiento estadístico de patrones es el trabajo desarrollado por R. B. Oliveira et al. [14] este proyecto comprende la identificación de innumerables parámetros que por sí solos aportan poca o nula información sobre la lesión, sin embargo, mediante un modelado del criterio de clasificación basado en aprendizaje automático, obtienen resultados muy prometedores.

Nuevos estudios más atrevidos como el realizado por T. Hoang et al. [15] propone un sistema de detección mediante el análisis de imágenes por *smartphone*.

Sin embargo, existen varias barreras potenciales a la implementación de la diagnosis automática en un marco clínico. (por ejemplo, la verificación de precisión de los algoritmos, los potenciales errores de diagnóstico o la aceptación de la comunidad médica) pero es lógico suponer alguna forma de cribaje asistido o diagnóstico puede llegar en un futuro próximo [16]. En la siguiente figura vemos un ejemplo de aplicación destinada a la detección del melanoma.

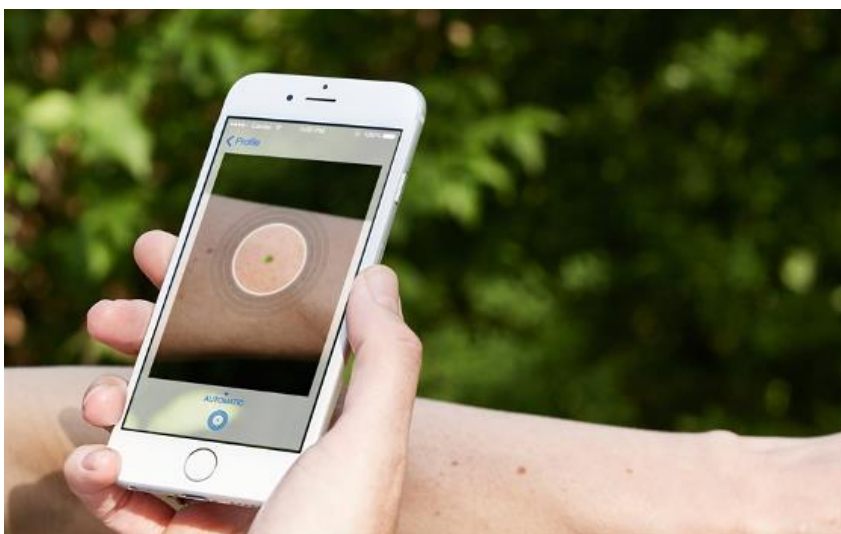


Figura 2.5- Captura de funcionamiento de la aplicación SkinVision©.

3. Modelos de diagnosis del melanoma

En líneas generales, el primer cribaje que se ejecuta de la lesión, se realiza en los centros de atención primaria i consiste en un examen físico, en que el médico observará las medidas, forma, color y textura de la lesión [17]. Una vez determinada la peligrosidad de la lesión, y manteniendo una sensibilidad de diagnóstico muy grande, el caso se envía al dermatólogo.

En este marco de primera revisión se plantea establecer la aplicación. Para tal propósito se han estudiado algunos de los diferentes criterios de clasificación del melanoma adoptados por la comunidad dermatóloga internacional.

3.1. Estudio de los criterios de clasificación

La comunidad internacional dermatóloga ha adoptado progresivamente varios algoritmos modelo de cribaje del melanoma, todos ellos demostradamente valiosos. Para este proyecto, se han seleccionado tres de los criterios más usados por los profesionales del sector, exponemos sus algoritmos a continuación.

Primer criterio

Las reglas ABCD descritas por Stolz et al. [18] fueron el primer algoritmo creado para ayudar en la identificación de las lesiones melanocítica malignas. Basado solo en 4 aspectos básicos de la dermoscopia, el criterio es fácil de aprender y de aplicar y ha sido objeto de gran cantidad de estudios y mejoras. Este método combina las características de asimetría, bordes, color y estructuras diferenciales:

Asimetría.

Para valorar la asimetría se debe establecer unos ejes de simetría de manera que ésta quede maximizada. Más allá de evaluar la simetría de forma, es necesario fijarse también en la distribución de color y estructuras visibles. Luego se valora con una nota entera entre 0 y 2 dependiendo de si existe simetría total o solo parcial.

Bordes.

La evaluación de los contornos según este método empieza desde la división de la lesión en 8 trozos iguales. Luego se debe valorar cada una de estas partes según si existen irregularidades o no. La siguiente figura ayuda a entender los conceptos de cuantificación de asimetría y bordes.

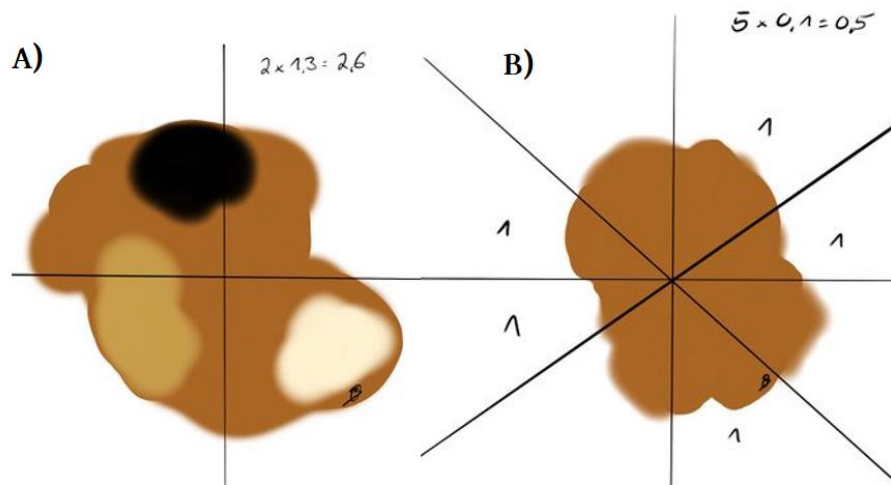


Figura 3.1. Estudio de la asimetría (A) y representación del estudio de los bordes (B).

Color.

Para determinar la puntuación respecto al color, se consideran los siguientes; blanco, rojo, marrón claro, marrón oscuro, gris azulado y negro. Puntuando la presencia de cada uno de estos mediante un punto. Estos colores representan la distribución de melanina según la profundidad en que se encuentre. La distribución irregular de estas está fuertemente relacionada con malignidad.

Estructuras diferenciales.

Este criterio tiene en consideración cinco patrones característicos del melanoma: áreas desestructuradas, retículo pigmentado, retículo atípico, glóbulos y puntos. En general el 90% de nevus comunes contienen 3 tipos de estructuras o menos. En cambio, el 73% de melanomas contienen 4 o más estructuras.

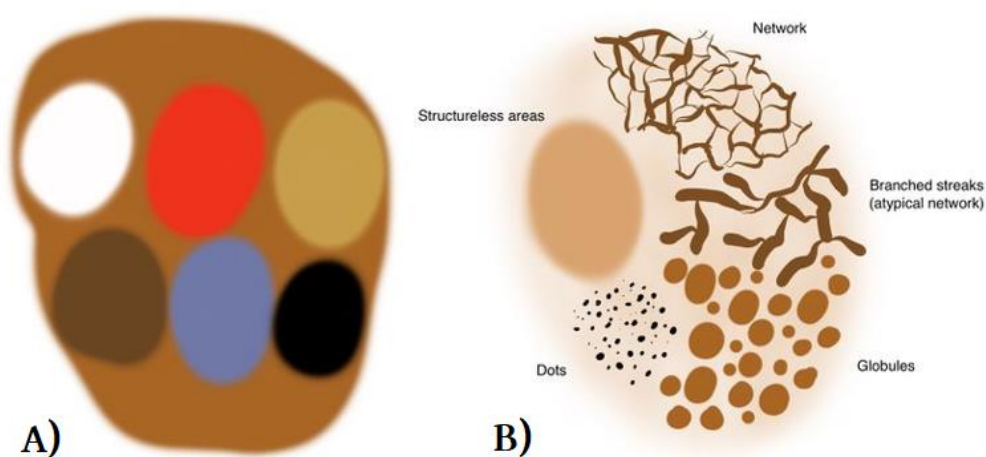


Figura 3.2. Estudio de la coloración (A) y de la presencia de patrones (B).

Una vez obtenidas las puntuaciones de cada aspecto distintivo, mediante la fórmula planteada por Stolz (3.1.) para la obtención de la puntuación TDS (*Total Dermoscopic Score*), se puede evaluar la peligrosidad de la lesión.

$$TDS = A \cdot 1.3 + B \cdot 0.1 + C \cdot 0.5 + D \cdot 0.5 \quad (3.1.)$$

Siendo A, B, C, y D las puntuaciones correspondientes de: asimetría, bordes, color y estructuras diferenciales, respectivamente. Esta puntuación finalmente es evaluada respecto a dos umbrales, a partir del valor de 5.45 se clasifica la lesión como melanoma. Entre este valor y 4.76 se etiqueta como lesión sospechosa.

Segundo criterio

El método de Menzies [19] está basado en 11 aspectos característicos que puntúan en función de si se encuentran presentes o ausentes en la lesión. Es uno de los métodos más utilizados juntamente con el ABCD. En líneas generales éstas características no difieren demasiado del anterior, la principal diferencia radica que este método incluye aspectos que son más difíciles de identificar sin un dermatoscopio.

Para considerar la lesión como sospechosa, se valoran primero la asimetría en la pigmentación de los patrones y la existencia de diferentes colores. El hecho de que la lesión sea monocolor y que la pigmentación esté distribuida simétricamente son indicadores fiables suficientes para demostrar benignidad. Posteriormente, se valora si alguno de los siguientes aspectos de la siguiente figura ésta presente en la lesión:

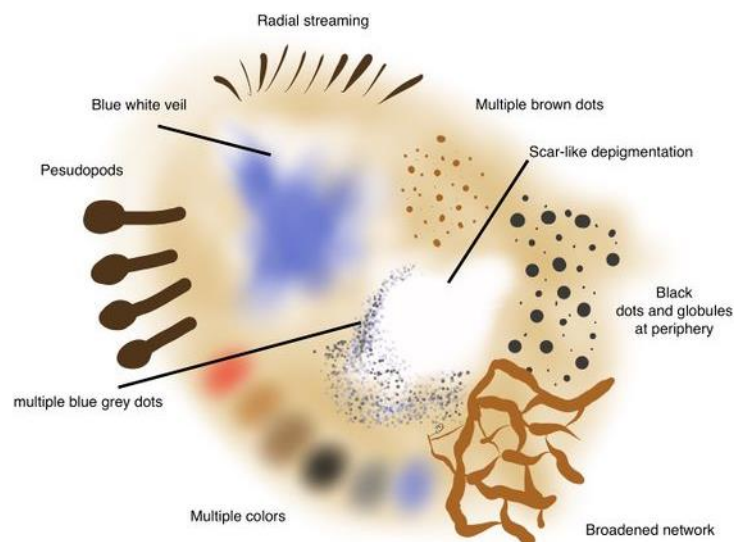


Figura 3.3. Segunda parte del criterio de Menzies de patrones

Tercer criterio

“Chaos & Clues” presenta un nivel de complejidad mayor al de los métodos ya citados. Se basa en un análisis de patrones y estructuras dermatoscópicas. En forma de preanálisis de la lesión se observa el nivel de *chaos* de la lesión. Éste valora la asimetría de las estructuras y principalmente de los contornos, así como la presencia de más de un color [20]. Una vez establecido que existe cierto nivel de irregularidad se deben buscar *clues*, es decir, pistas que indiquen de manera activa la presencia de malignidad. Estas características recaen en el análisis de patrones y estructuras: líneas anguladas, paralelas o radiales, zonas sin estructuras, puntos negros y glóbulos en la periferia, etc. En la siguiente figura presentamos un resumen del funcionamiento:

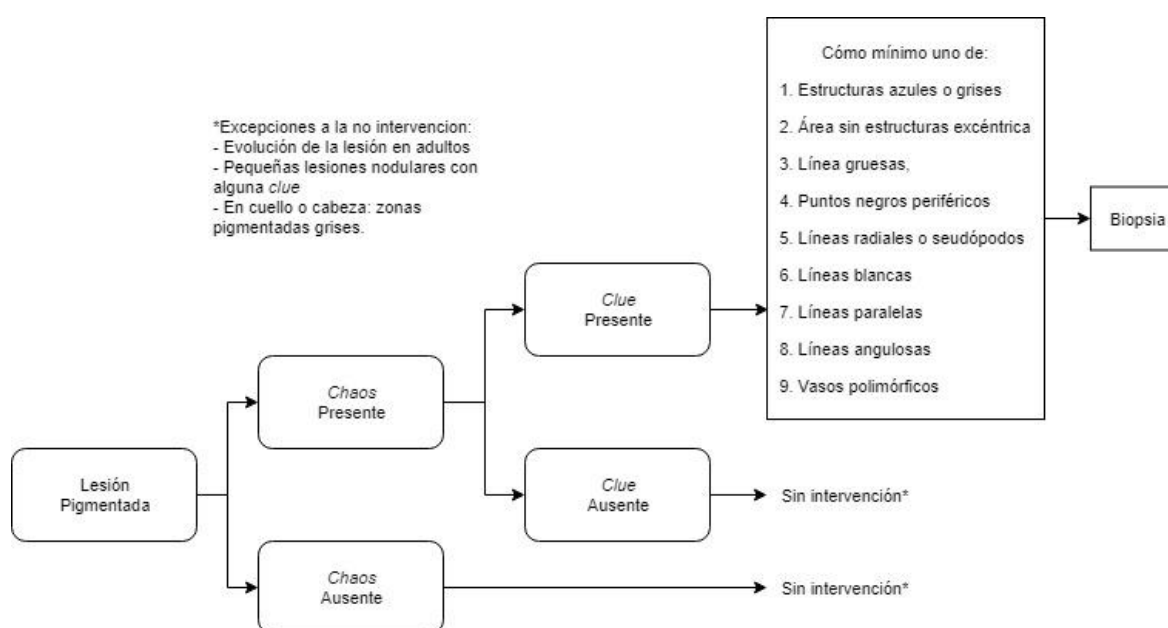


Figura 3.4. Algoritmo de *Chaos and Clues*

3.2. Evaluación de los criterios

Una vez presentados los métodos más extendidos globalmente en lo que refiere a la identificación de lesiones melanocíticas, entramos en la valoración de cada uno de los métodos. Los expertos no se ponen de acuerdo en una valoración objetiva de los diferentes criterios presentes en el ámbito dermatoscópico. En un estudio desarrollado por C. Carrera et al indican un dominio del método de Menzies en cuanto a sensibilidad y del criterio ABCD de *Stolz* en cuanto a especificidad [21]. En la siguiente tabla vemos los resultados de precisión obtenidos por la doctora Carrera en el estudio de estos criterios:

	ABCD (TDS > 4.75)	Menzies	Chaos and Clues
Sensibilidad	74.8%	95.1%	82.4%
	66.0 – 82.3%	89.0 – 98.4%	66.1 – 96.5%
Especificidad	59.4%	24.8%	40.2%
	54.0 – 64.6%	20.1 – 30.1%	35.1 – 45.5%

Tabla 3.1. Precisión de los criterios estudiados

En este artículo se concluye con una crítica a los criterios reconocidos, y se propone una búsqueda conjunta de la comunidad dermatóloga de la creación de un nuevo algoritmo estándar de detección del melanoma.

Con el propósito de adoptar un modelo afín al tratamiento de imágenes por ordenador, se propone una adaptación del modelo de ABCD, con diferentes ponderaciones, con la finalidad de maximizar su sensibilidad a costa de especificidad. Se estudiarán técnicas de extracción de diferentes parámetros asociados con la asimetría, irregularidad de bordes, irregularidad del pigmento y estructuras dermatoscópicas.

4. Metodología

Para la implementación de esta aplicación se ha realizado un estudio previo de una extensa colección de documentos científicos para obtener conocimiento de las diferentes técnicas y procedimientos ya aplicados a la detección automática de los melanomas. Seguidamente exponemos éstas juntamente con una tabla resumen de los parámetros seleccionados.

4.1. Técnicas de tratamiento de la imagen y programación.

A continuación, exponemos por bloques la revisión y estudio de las diferentes técnicas de tratamiento de la imagen y programación que finalmente aplicamos.

Transversales

En diversos momentos del proceso de codificación ha sido necesaria la simplificación del problema, por ejemplo, por medio de la división por bloques. Definir cada paso y simplificar al máximo cada segmento de código da una facilidad muy considerable de cara a la mejora continua de secciones del código.

Dado el carácter desglosado en secciones, en cada segmento de código se han podido realizar pruebas de funcionamiento del bloque. Que han ayudado a detectar parámetros problemáticos o malfuncionamientos producidos por ejemplo por ciertos patrones frecuentes en el archivo de imágenes de referencia [11].

4.1.1. Bloque Inicial

El objetivo del bloque inicial es el segmentado de la lesión respecto al área de piel sana presente en la imagen. Para tal propósito y dado que existe una variedad de interferencias que dificultan una correcta segmentación, se plantea un bloque de pre-procesado presente en la mayoría de artículos del ámbito [13].

Las técnicas usadas en este bloque tienden a depender del histograma de la imagen. Otra definición en este ámbito sería la distribución de la cantidad de píxeles de cada intensidad. A continuación, vemos un histograma representado.

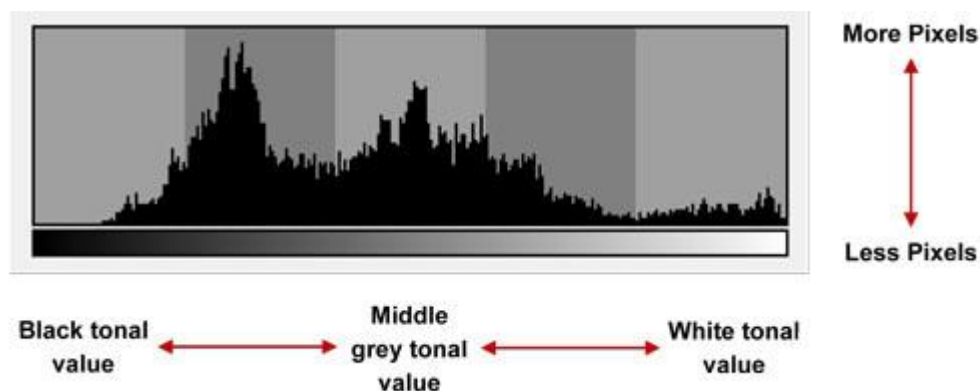


Figura 4.1. Demostración de histograma.

La tendencia general incluye el uso de técnicas de superposición de canales, esto es a partir de un modelo de color de la imagen (por ejemplo, RGB, YUV, HSV), extraer los canales que más contrastan la lesión de la piel. Tras multiplicarlos por un factor de conversión y realizar un sumatorio se obtiene una matriz de intensidades representable como una imagen en escala de grises.

El contraste que buscan estas técnicas también se simboliza como una maximización de la bimodalidad. Ésta no es más que la cualidad de un histograma de formar dos máximos locales bien diferenciados.

Los dos sistemas de pre-procesado que se plantean se extraen de artículos que tratan únicamente ésta parte de la segmentación. Miguel A. Castillo et al, [22] plantea un algoritmo que incluye 3 métodos de tratamiento de la imagen: obtención del canal Y des del modelo de colores YUV, detección y borrado de oclusiones y filtrado para la eliminación de ruidos. M. Celebi [23] presenta un algoritmo para maximizar el contraste de la imagen mediante una superposición variable de los canales RGB. Con un algoritmo iterativo calcula la matriz de conversión de RGB a escala de grises que genere la imagen con más bimodalidad.

Finalmente se ha escogido una adaptación del segundo. Tras visualizar los 6 canales de los modelos de color RGB y HSV, se han escogido los que generan una imagen más contrastada en la mayoría de imágenes de referencia estudiadas. Estos son: canal V o iluminancia, canal B o azul, canal R o rojo, canal G o verde y canal S o saturación. En la visualización se pudo evaluar que cuando el canal azul está más contrastado, el rojo deja de estarlo y viceversa, para maximizar el contraste se evalúa la máxima varianza de cada canal y se ponderan los tres canales seleccionados según esto.

De cara a una mejor binarización también se plantea la creación de dos máscaras que hacen la imagen más homogénea. Una para eliminar los bordes del dermatoscopio de la imagen y la otra para evitar el reflejo de luz en la parte superior y en los lados de la imagen.

Para el segmentado aplicaremos dos técnicas, la primera, para todas las imágenes, es el método de Otsu [24]. Este algoritmo plantea la obtención de un umbral de binarización encontrando la máxima varianza entre clases, y maximizando con ello la bimodalidad. La otra técnica, se obtiene solo en imágenes en las que sea posible obtenerla. Consiste en encontrar el valor de mínimo entre dos máximos del histograma. Esto solo se da en casos en que la lesión sea de tamaño medio o grande. Mediante estos dos umbrales realizamos una media y lo consideramos el umbral de binarización.

Seguidamente se aplicarán una serie de operaciones morfológicas para eliminar interferencias y errores en el borde de la lesión.

Parametrizado.

En este bloque se proponen diferentes técnicas de parametrizado partiendo de la segmentación propuesta en el apartado anterior. El objetivo de este bloque es encontrar una serie de parámetros que cuantifiquen la asimetría, la irregularidad de los bordes, el color y las estructuras dermatoscópicas.

Asimetría:

M. Celebi et al. [13] describe en este artículo una serie de parámetros que, tras cuantificar, clasifica mediante un sistema de aprendizaje autónomo. Entre los parámetros que cuantifica podemos encontrar: solidez, distancia entre centroide, asimetría 1 y 2, excentricidad, etc. En este tipo de análisis por aprendizaje autónomo tiende ser más eficaz la cantidad que la calidad de características. J. Alcon et al. [12] propone una gran selección de características de asimetría ver figura. Entre ellas mención especial a la circularidad, el diámetro equivalente, y una serie de ratios geométricos que relación la lesión con la elipse de segundos momentos equivalentes, los vemos en la figura siguiente:

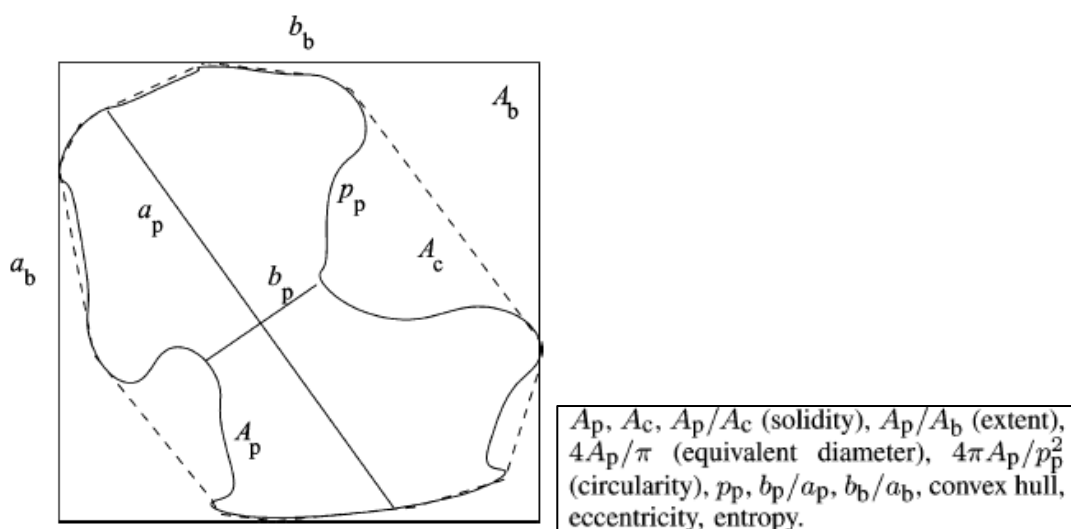


Figura 4.2. Variables geométricas obtenidas en [12].

En un principio, se escogieron prácticamente todos los parámetros mencionados anteriormente debido a la facilidad de implementación, sin embargo, tras unas primeras pruebas, se hizo evidente la redundancia de muchos de ellos. Finalmente se eligió como principal determinador de cantidad de asimetría el parámetro introducido por *M. Celebi* como asimetría 1 y 2. Debido a su semejanza a la concepción real de asimetría. Como parámetro cruzado entre la irregularidad de bordes y la asimetría introducimos la solidez. Como parámetros menores se establecen la circularidad y la excentricidad, ambos relacionados con la irregularidad de la lesión. Finalmente, como parámetro cruzado con la coloración de la lesión se obtiene la distancia entre los centroides.

Tras un estudio y valoración de los parámetros de asimetría 1 y 2 se ha decidido prescindir de uno de estos valores. La decisión reside en que, en el caso de lesiones con formas ovoides o triangulares, siendo naturalmente simétricas a ojo humano el algoritmo las considera de parcialmente asimétricas. Entonces la valoración de este parámetro reside finalmente en el nivel de asimetría más pequeño de los dos iniciales.

Tras una prueba en un grupo referencial de 20 imágenes se obtienen unos umbrales que dividen cada parámetro en presente o ausente. Entonces aportamos una puntuación a cada uno de ellos en función de su peso clasificatorio:

Los parámetros que comparten asociación con otra característica obtienen un 20% del total cada uno, los parámetros de irregularidad por ser en parte redundantes obtienen un 10% cada uno. Finalmente, el parámetro de asimetría obtiene un 40% del total por su semejanza a la concepción real de asimetría.

Bordes.

A. Hossen [25] propone extraer varios parámetros para cuantificar la irregularidad del borde, entre ellos: el índice *compactness*, un parámetro muy sensible a una mala segmentación; y la dimensión fractal, que en su implementación exhibe un rango poco favorable entre 0.83 – 0.91. J. Jaworek-Korakowska [26] propone un novedoso método basado en la linealización de los bordes de la lesión ver figura, para posteriormente transformarlo en una curva donde poder detectar máximos y mínimos y evaluar así la presencia de irregularidades. Partiendo del método descrito por Jaworek se ha implementado un sistema con el mismo principio, pero ligeramente modificado para adaptarse a la colección de imágenes.

La detección de máximos y mínimos en el perfil de la lesión se ha realizado por derivación. En los cruces de la derivada con 0 contamos una irregularidad. Para poder transformar el sistema de puntos cardinales a una curva derivable se ha propuesto una aproximación por splines.

Una vez obtenida la derivada de todos los bordes dividimos cada borde en cuatro cuartos frente a las dos mitades de la propuesta de Jaworek. De ésta forma se puede realizar una más precisa valoración a la vez que dotar a los cuartos centrales, cuyo borde es parametrizado más fidedignamente, de más importancia. En la figura siguiente se ve la idea éste del método.

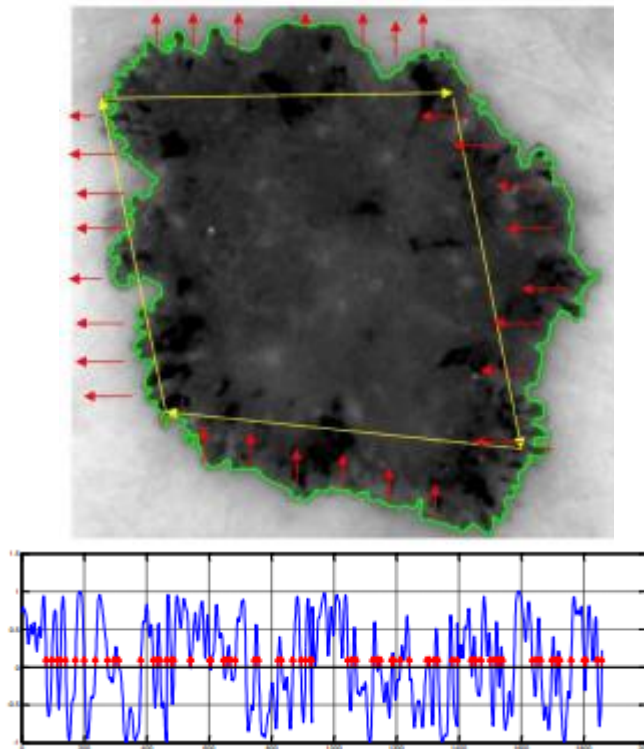


Figura 4.3. Implementación del estudio de bordes por Jaworek.

La adaptación del sistema propuesto incluye la situación en que la lesión no está contenida del todo en la imagen. En caso que alguno de los lados del borde no exista, el algoritmo lo entenderá como una sobre extensión y, no solo puntuará el resto de contornos con más ponderación para suplir el inexistente, sino que también activará una condición transversal para que los parámetros de asimetría, (invalidados por la deformación de la lesión) no sean tan importantes en la puntuación final, a costa de los parámetros de color y estructuras.

Color:

En general los parámetros relacionados con el color tienden a ser puramente estadísticos. Ganster [27] propone la desviación estándar normalizada de los canales de tonalidad y iluminancia del modelo de colores HSV. R. Oliveira [14] también basa su parametrización de los colores en una extensión de variables estadísticas como la media, varianza, desviación de varios canales de diferentes modelos de color.

El sistema que se propone implantar es equivalente al propuesto por Ganster, y su implementación es sencilla. Al igual que en el caso de la asimetría se realiza una morfolización mediante un conjunto de imágenes de referencia, esta vez en tres niveles, puntuación máxima, media y nula. Ambos indicadores, tonalidad y iluminancia son cuantificados equivalentemente.

Retículo Pigmentado

Con el objetivo de reconocer la presencia de varios tipos de estructura dermatoscópica se han estudiado algunos sistemas de detección de patrones. Sin embargo dada la dificultad de implementación de este tipo de funciones, y los pocos ejemplos existentes finalmente se ha apostado por Maryam, [28] que presenta una técnica de detección del retículo pigmentado mediante el uso grafos. Estudiada su implementación, se ha adaptado para la aplicación.

El principal inconveniente de esta técnica reside en el derroche de tiempo de computación que supone la creación de un grafo por cada círculo cerrado detectado por el filtro laplaciano de gauss. Así que se ha propuesto otra forma de cribaje de las estructuras, consiste en rellenar los huecos que deja la lesión y aplicar una serie de filtros basados en la forma y el tamaño esperado de este tipo de estructuras.

Finalmente, se busca mediante grafos las estructuras que podrían formar parte de una red, y se calcula la densidad de red. Se aplica un umbral de detección de red en función de un parámetro referencia obtenido de la base de datos PH2.

Clasificación

La aplicación de un código funcional dotado de una alta sensibilidad pasa por una correcta evaluación de las características obtenidas.

Con el objetivo de dar una clasificación final a las imágenes, se ha propuesto un sistema de puntuación adaptado del ABCD. La asimetría, por contar con parámetros cruzados con Irregularidad de borde y color, merece una ponderación mayor a la del resto. En cambio, la presencia de retículo pigmentado y color no deberían aumentar su ponderación a la original del método. Finalmente, la irregularidad del borde si podría merecer un aumento de su ponderación debido a la mejora del código.

Mimetizando y mejorando la distribución de puntuación, del método ABCD llegamos a la siguiente conclusión

Asimetría= {0 .. 4} Bordes Irregulares = {0 .. 2} Color = {0 .. 1} Retículo pigmentado = {0 .. 1}

Con una rápida referencia a las puntuaciones totales de una muestra de imágenes, indicamos una puntuación umbral muy semejante a la del método de Stolz. 4.5 puntos.

4.2. Parámetros a cuantificar

Tras el estudio de las diferentes técnicas de computado de imágenes dermatoscópicas, se han escogido los siguientes parámetros de malignidad para nuestro código, así como el peso de estos en la puntuación clasificatoria final:

Característica	Descripción	Punt.	Asociado a
Solidez	Ratio entre el área de la lesión y el total de píxeles en el polígono convexo que la contiene.	0.8 0.4*	Asimetría y bordes.
Excentricidad	Es una propiedad de la elipse que tiene los mismos segundos momentos geométricos propios de la lesión. Se define como la ratio entre la distancia entre los focos de la elipse y la longitud del eje mayor de ésta. Su valor está entre 0 (círculo) y 1 (línea).	0.4 0.2*	Asimetría
Asimetría	Ratio del área de la lesión frente al área no coincidente resultado de comparar las dos mitades más simétricas de la lesión.	1.6 0.8*	Asimetría
Circularidad	El índice de circularidad relaciona el cuadrado de la fracción entre el radio de un círculo con área igual a la de la lesión y el radio de un círculo con perímetro igual al de la lesión	0.4 0.2*	Asimetría
Distribución del pigmento	Distancia entre el centroide del área de la lesión y el de la lesión ponderada con la pigmentación de cada píxel de ésta.	0.8 0.4*	Asimetría y color
Distribución de la intensidad	Desviación estándar de la distribución de intensidades en la luminancia de la lesión.	1 1.5*	Color
Distribución de los tonos	Desviación estándar de la distribución de las tonalidades de la lesión.	1 1.5*	Color
Retículo pigmentado	Presencia o ausencia de la estructura dermatoscópica conocida como retículo pigmentado	1	Estructuras
Irregularidad de los bordes	Presencia o ausencia de irregularidades a lo largo de 16 secciones del perímetro de la lesión.	2 3*	Bordes

* Valores que entran en funcionamiento en caso de que la imagen no cubra toda la lesión.

Tabla 4.1. Resumen de los parámetros a cuantificar.

5. Diseño de la aplicación

5.1. Estudio de los entornos de programación

Para el desarrollo de los algoritmos de clasificación se han planteado dos opciones:

- OpenCV®, una librería de acceso libre dedicada a la visión por computador y adaptada a los lenguajes C++, C, Python y Java.
- Matlab® i Image Processing Toolbox™ que proporciona un conjunto completo de algoritmos estándar de referencia y apps de flujo de trabajo para el procesamiento, el análisis y la visualización de imágenes, así como para el desarrollo de algoritmos.

Tras estudiar los diferentes aspectos de estos entornos como: familiaridad con el lenguaje, facilidad de programación, velocidad de procesamiento, etc., se ha llegado a la decisión de usar Matlab. Principalmente debido a la licencia estudiante proporcionada por la UPC y al gran conjunto de ayudas y formación en la red del que dispone este *software*.

Además, con el uso de Matlab queda abierta la posibilidad de adaptar el código mediante su soporte en OpenCV. Esta opción se propone como futura mejora para la implementación del software en un ámbito comercial.

5.2. Codificación

El algoritmo descrito en este apartado sigue el diagrama mostrado a continuación:

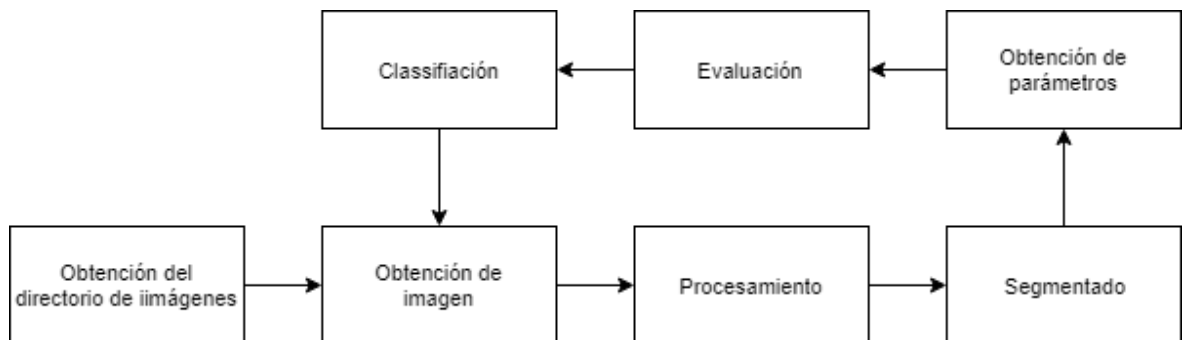


Figura 5.1. Algoritmo general.

Empieza con la captación del directorio de imágenes para, a continuación, empezar un bucle *for* donde se evaluará cada imagen en su totalidad.

Justo al inicio del bucle se propone un sistema basado en la función *try ... catch*. Esta función evitará los errores que se puedan dar a lo largo de la simulación y almacenará los nombres de las imágenes problemáticas.

5.2.1. Primer Bloque

Preprocesado.

Se inicializan objetos geométricos que usaremos varias veces durante el bloque de segmentación para realizar operaciones de apertura o cierre. Obtenemos también varias representaciones de la imagen:

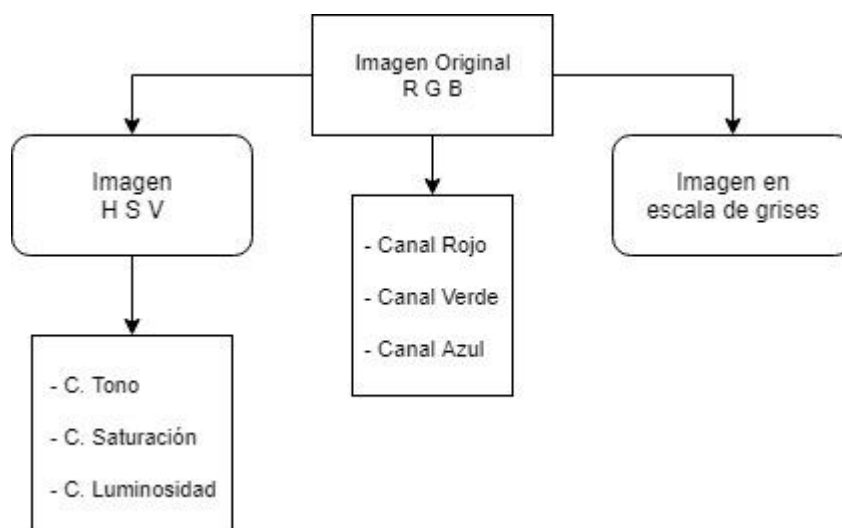


Figura 5.2. Separación por canales de la imagen original.

Realizamos la superposición de canales. Primero obteniendo la varianza según el método de *Otsu* explicada en el apartado anterior, posteriormente valoramos que resultado es más óptimo y creamos una imagen mediante los canales azul, verde y el canal de luminosidad. O bien, en caso de estar más contrastado el rojo, supondremos la otra unión, rojo, saturación y luminosidad.

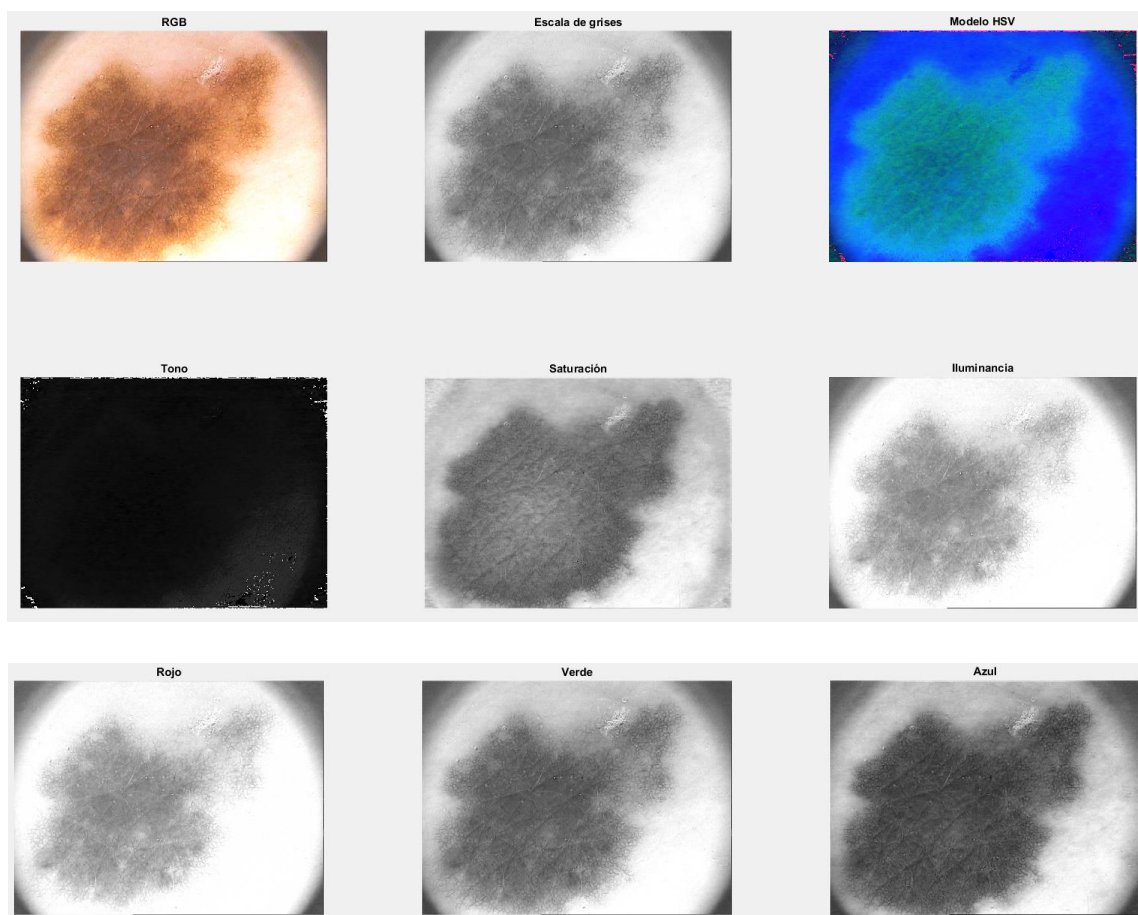


Figura 5.3. Diferentes representaciones de los canales de la imagen.

En las zonas de los lados y la parte superior de la imagen debido al ángulo de la fotografía se puede observar un aumento de la luminosidad. Con el propósito de corregir ese problema creamos dos filtros degradados. En la figura a continuación nos podemos hacer una idea de estos filtros, éstos son 10 veces más intensos que las implementadas

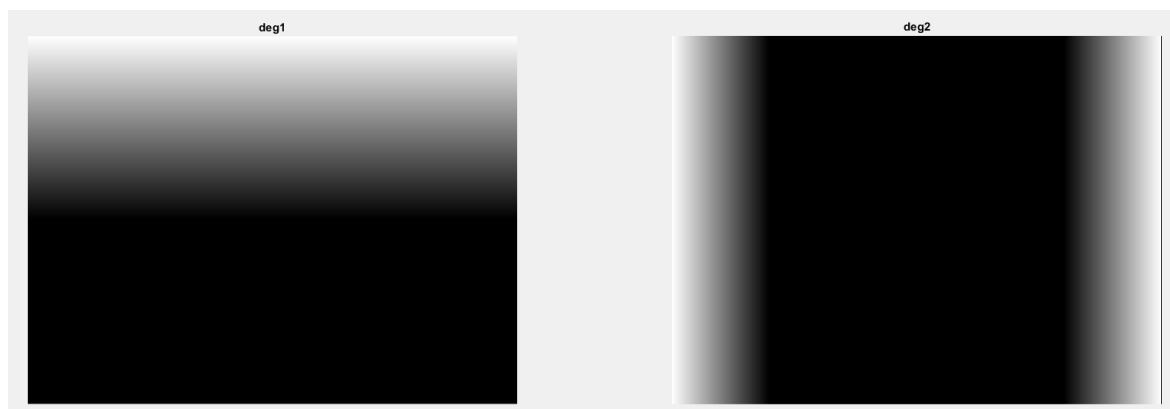


Figura 5.4. Representación modificada de las máscaras aplicadas.

En la mayoría de imágenes dermatoscópicas debido a la estructura de los dermatoscopios se pueden visualizar los bordes de la lente como apreciamos en la imagen 5.5. Esta interferencia la hemos negado mediante una máscara adaptada para cada imagen para evitar errores en la segmentación.

Para el proceso de creación de la máscara se ha creado una adaptación por binarización, de esta forma en casos sencillos donde la lesión está separada del marco (caso A) se puede eliminar todo y nada más que interferencia. En los casos difíciles, tras una evaluación automática de la binarización, la aplicación presupone una máscara predeterminada (esquinas superiores del caso B).

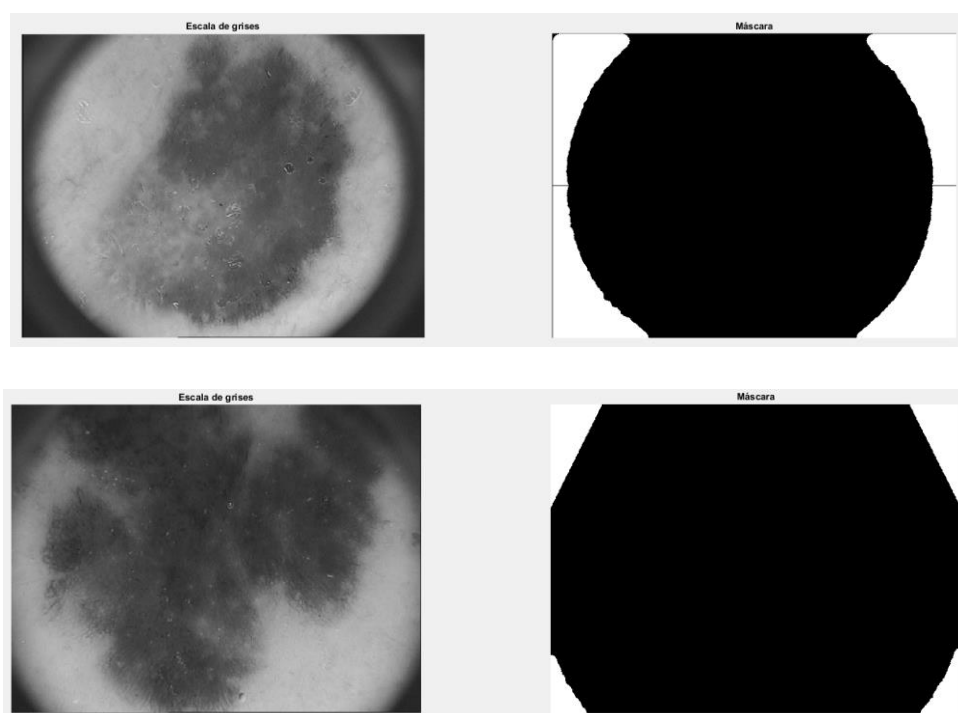


Figura 5.5. Eliminación de las interferencias de las esquinas.

Una vez realizado este paso, contrastamos la imagen en caso de que no cumpla con una varianza mínima deseada para una correcta binarización. En la siguiente figura mostramos un ejemplo de aumento del contraste.

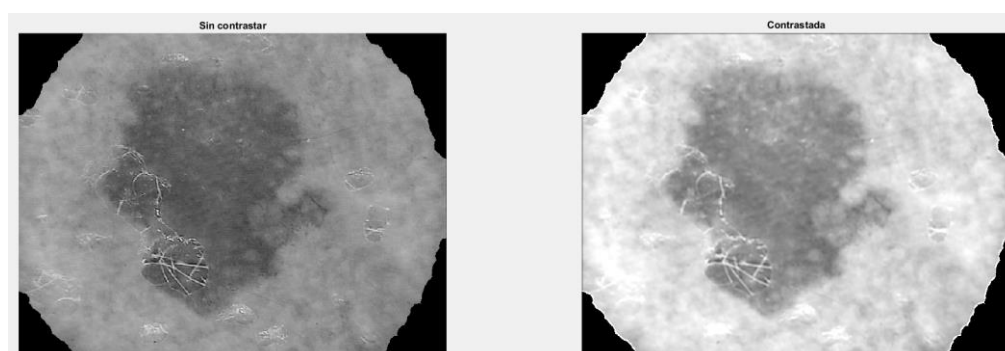


Figura 5.6. Contraste de la lesión.

Segmentación

La segmentación se ha implementado de dos formas distintas. El método principal se basa en encontrar el mínimo entre dos máximos locales prominentes del histograma de la imagen tratada. Como vemos en el caso A, se ha podido aplicar sin problemas y hemos encontrado valor de 141. Para encontrar en nivel de binarización que se adapte al máximo, lo ponderamos a partes igual con el umbral obtenido mediante el método de *Otsu* y lo binarizamos.

Este método es muy eficaz en lesiones contrastadas respecto a la piel sana de su alrededor, más aún cuando el tamaño de la lesión es medio. Esto es debido a que producen un histograma claramente bimodal. Su contraparte está en el caso B, donde no se consigue establecer ningún mínimo debido a la distribución casi normal de la intensidad.

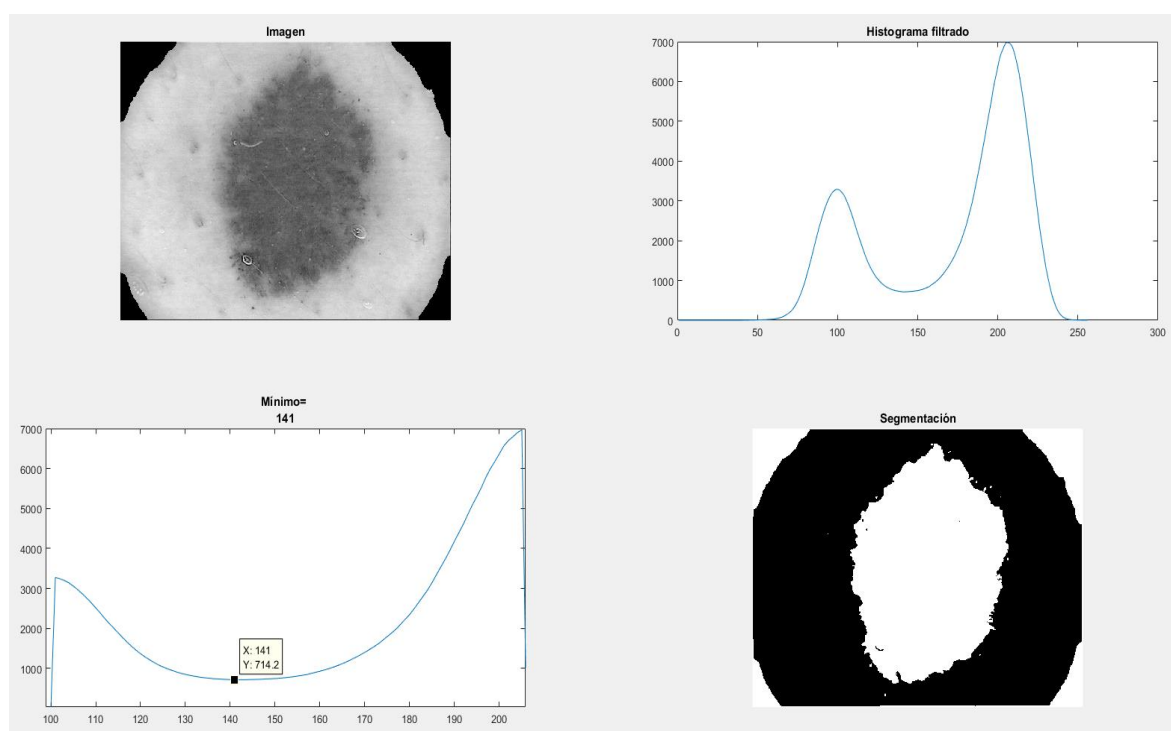


Figura 5.7. Aplicación de binarizado por método del histograma.

En el segundo caso, se ha implementado una binarización automática por el método de *Otsu*.

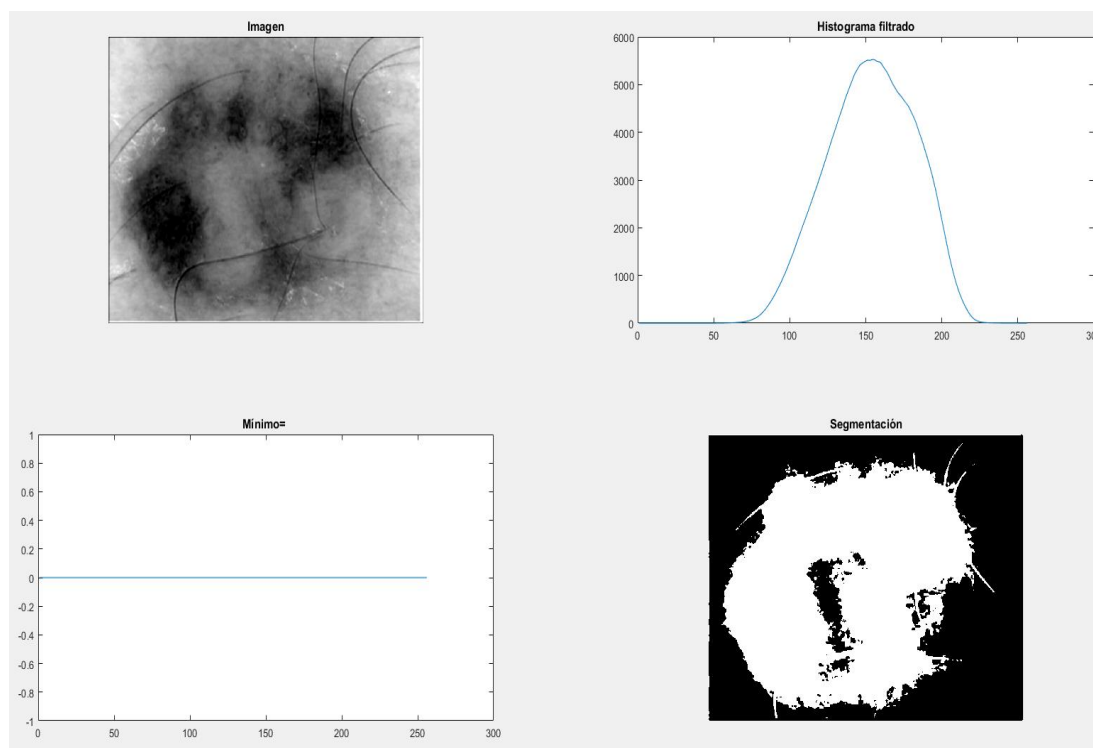


Figura 5.8. Aplicación de binarizado por método de *Otsu*.

Postproceso

Una vez realizada la segmentación realizamos una serie de procedimientos que detallamos en la imagen y la tabla inferiores:

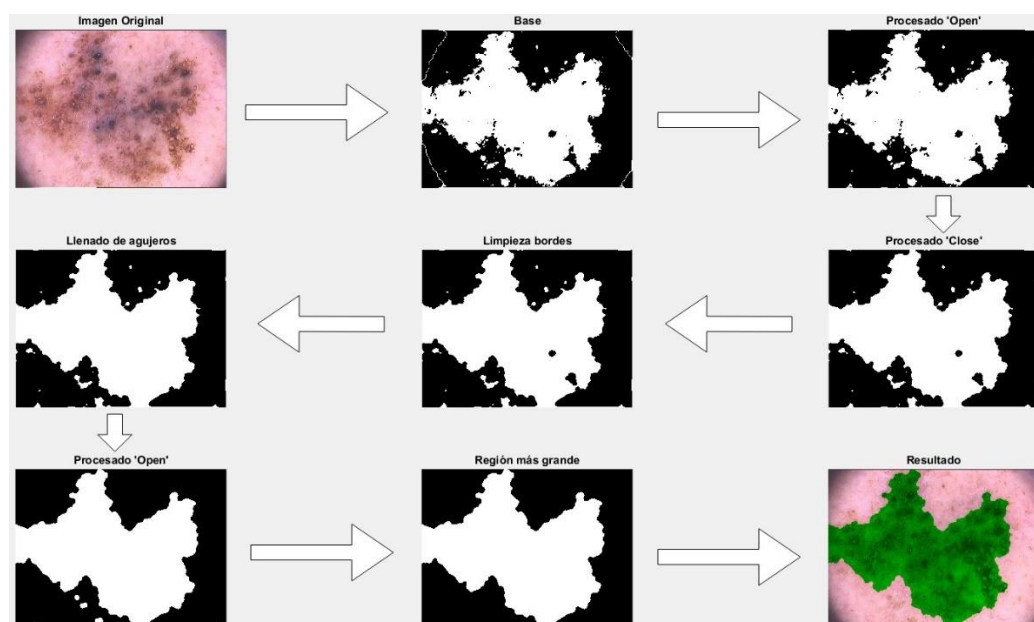


Figura 5.9. Algoritmo de post procesamiento.

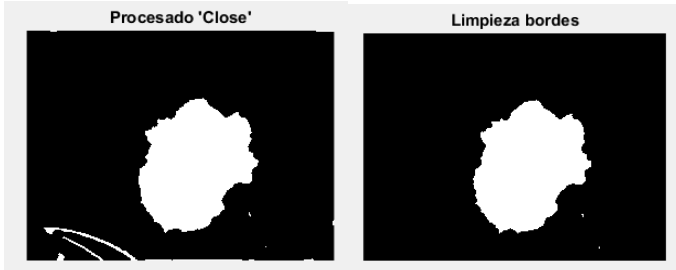

Función	Descripción
"imopen"	Realiza una apertura morfológica (quitar y añadir) mediante un elemento estructurador. En el primer caso usamos un disco pequeño para eliminar ruidos i líneas finas como por ejemplo pelo fino, o las trazas de las esquinas del dermatoscopio. En el segundo paso de apertura, usamos un disco más grande con la finalidad suavizar los bordes i quitar pelos e interferencias más grandes.
"imclose"	Realiza un cierre morfológico (añadir y quitar) mediante un elemento estructurador. En este caso usamos uno más grande con la finalidad de juntar trozos de la lesión que podrían estar separados por zonas más claras que no superaron el umbral de binarización.
"imclearborder"	<p>Esta función borra los elementos que están directamente en contacto con los bordes de la imagen. Éste paso tiene un comprobante que salta en el caso de la figura x. La aplicación, al intentar borrar toda la lesión, automáticamente vuelve al paso anterior gracias a un condicional que valora la cantidad de lesión del resultado. En la siguiente figura vemos un funcionamiento de "imclearborder" que si ha dado frutos.</p>  <p>Figura 5.10. Muestra de la función <i>imclearborder</i>.</p>
"imfill"	<p>Su funcionalidad radica en encontrar i rellenar regiones aisladas de los bordes de la imagen. Ésta parte es vital para la buena segmentación de algunas lesiones cómo la vista anteriormente.</p>  <p>Figura 5.11. Muestra de la función <i>imfill</i>.</p>
"bwareafilt"	Obtiene las regiones conectadas de mayor área. En este caso sólo buscamos la región con más píxeles. De esta forma obtenemos una sola región de estudio.

Tabla 5.1. Procesos morfológicos en imágenes binarios.

El resultado final es la obtención de una máscara de recorte que abarca el área de lesión y está libre de interferencias:

5.2.2. Segundo bloque

Asimetría

Mediante la función *regionprops* de *Matlab* se obtienen una serie de características que valdrán para reconocer la forma de la lesión y valorar su asimetría:

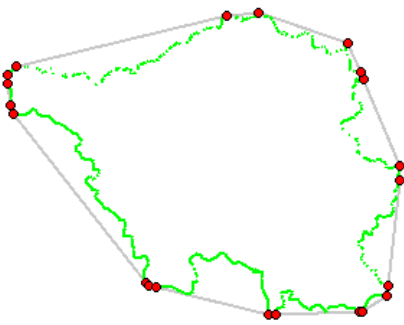
Propiedad	Descripción	Variables
Area	Obtiene la cantidad de píxeles de la región.	A_p
Perimeter	Perímetro de la región en píxeles.	P
Centroid	Localización del centro de masa de la región binaria.	c
WeightedCentroid	Localización del centro de masa de la región en escala de grises. La diferencia respecto al anterior es que esta propiedad pondera, además de la localización de los píxeles, su intensidad.	wc
Solidity	Relación del área de la región i del área de la envolvente convexa (polígono convexo de menor tamaño que contiene la lesión. Ver figura.). Nos da una idea de las irregularidades en la forma de la lesión. 	Asym(1)

Figura 5.12. Lesión frente a polígono convexo.

Tabla 5.2. Propiedades de *regionprops*.

Mediante las variables obtenidas con *regionprops* se procede al cálculo de los parámetros restantes:

$$asym(2) = \sqrt{(x_c - x_{wc})^2 + (y_c - y_{wc})^2} \quad (5.1)$$

Es la distancia en píxeles entre los dos centroides. En la siguiente figura se puede ver más claro.

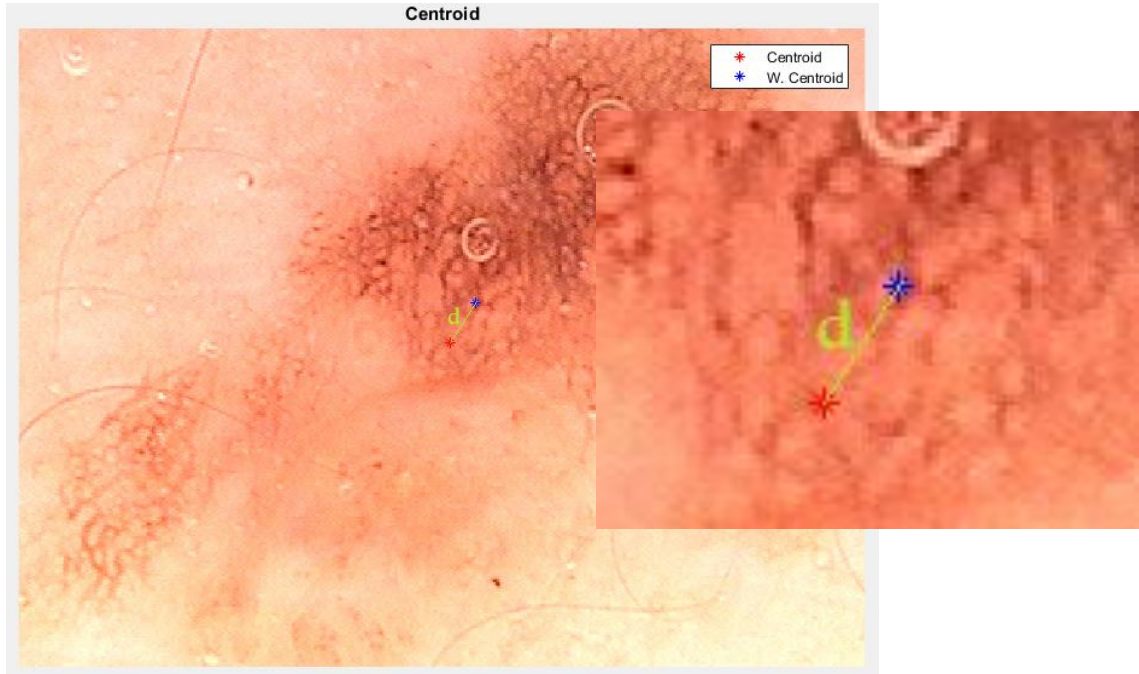


Figura 5.13. Visualización de la distancia entre centroides.

Este valor se conoce como circularidad. Es la relación entre el cuadrado de los radios de los círculos equivalentes con área= A_p i perímetro= p

$$asym(3) = \frac{4 \cdot \pi \cdot A_p}{p^2} \quad (5.2)$$

Para el último parámetro relacionado con la asimetría creamos una función más compleja.

Para aplicar este algoritmo se han usado dos propiedades más de la función “*regionprops*” de Matlab: “*Image*” que recorta la imagen en un rectángulo mínimo que contenga la región, y “*Orientation*”, cuya funcionalidad es obtener el ángulo de la elipse equivalente a la región.

Mediante estos, recortamos la función y la rotamos para maximizar la simetría respecto a los ejes verticales y horizontales. Después se recorta la imagen en mitades respecto al centroide representado en el tercer paso. Se voltea uno de los dos lados y se aplica una traslación para equiparar el tamaño de las mitades. Aplicamos una función lógica XOR que obtiene la región divergente entre mitades.

Finalmente obtenemos el último valor de asimetría dividiendo el área más pequeña de las dos por el área total de la lesión. En la siguiente imagen se puede seguir el proceso paso a paso.

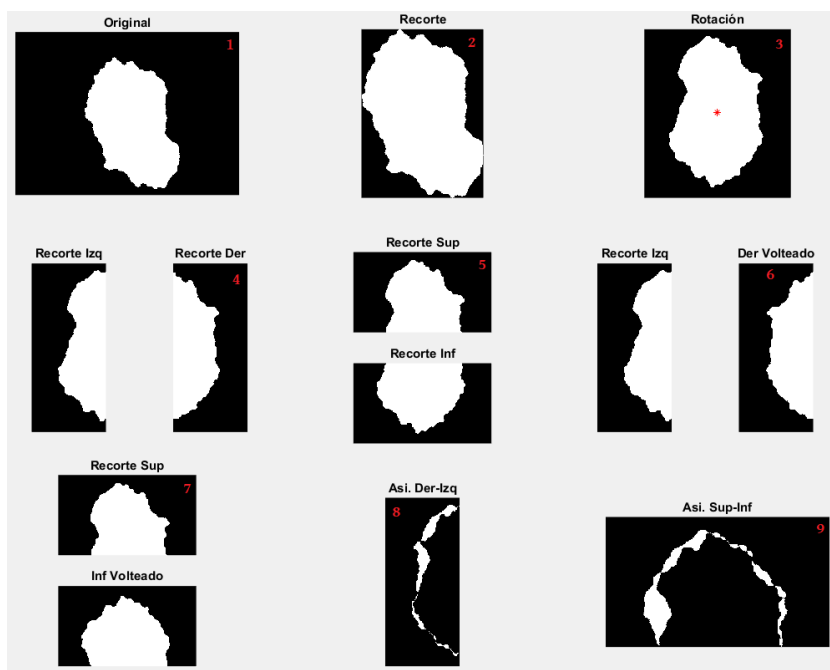


Figura 5.14. Paso a paso del algoritmo de cálculo de la asimetría.

Bordes

Para trabajar los bordes de la lesión, se ha usado una máscara no procesada del todo para mantener unos contornos más fieles a la realidad. Después de transformar la imagen mediante la función *edges* dividimos los contornos en 4 mediante una combinación de máscaras.

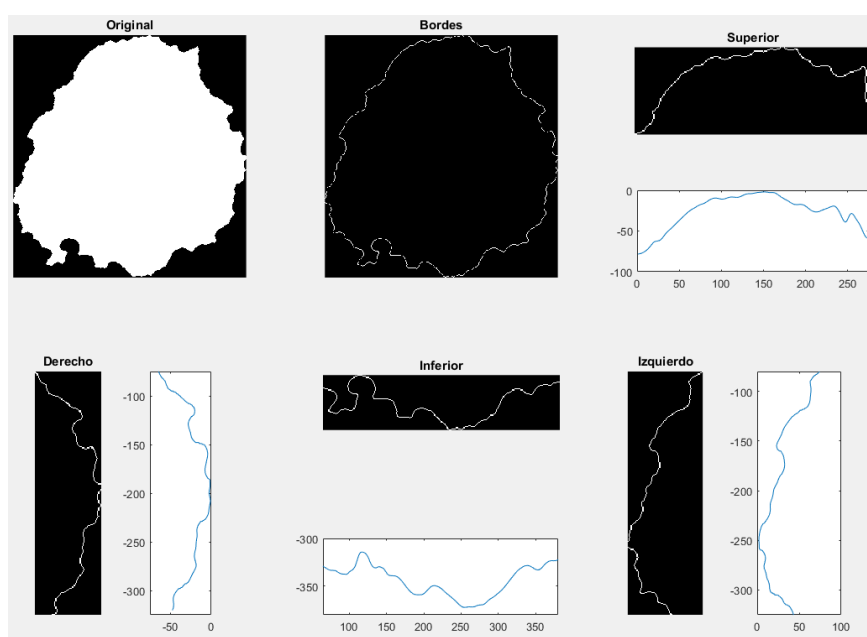


Figura 5.15. Visualización del proceso de calcula de la irregularidad en los bordes.

Una vez realizada la separación, mediante la función *Regionprops* encontramos la localización de los píxeles en cada uno de los 4 casos. En la situación de no poder encontrar el contorno en algún caso activará el procedimiento de lesión más grande que la imagen.

Al visualizar las coordenadas X en función de las coordenadas Y y aplicarles un filtro gaussiano para eliminar irregularidades pequeñas, podemos desarrollar el siguiente algoritmo:

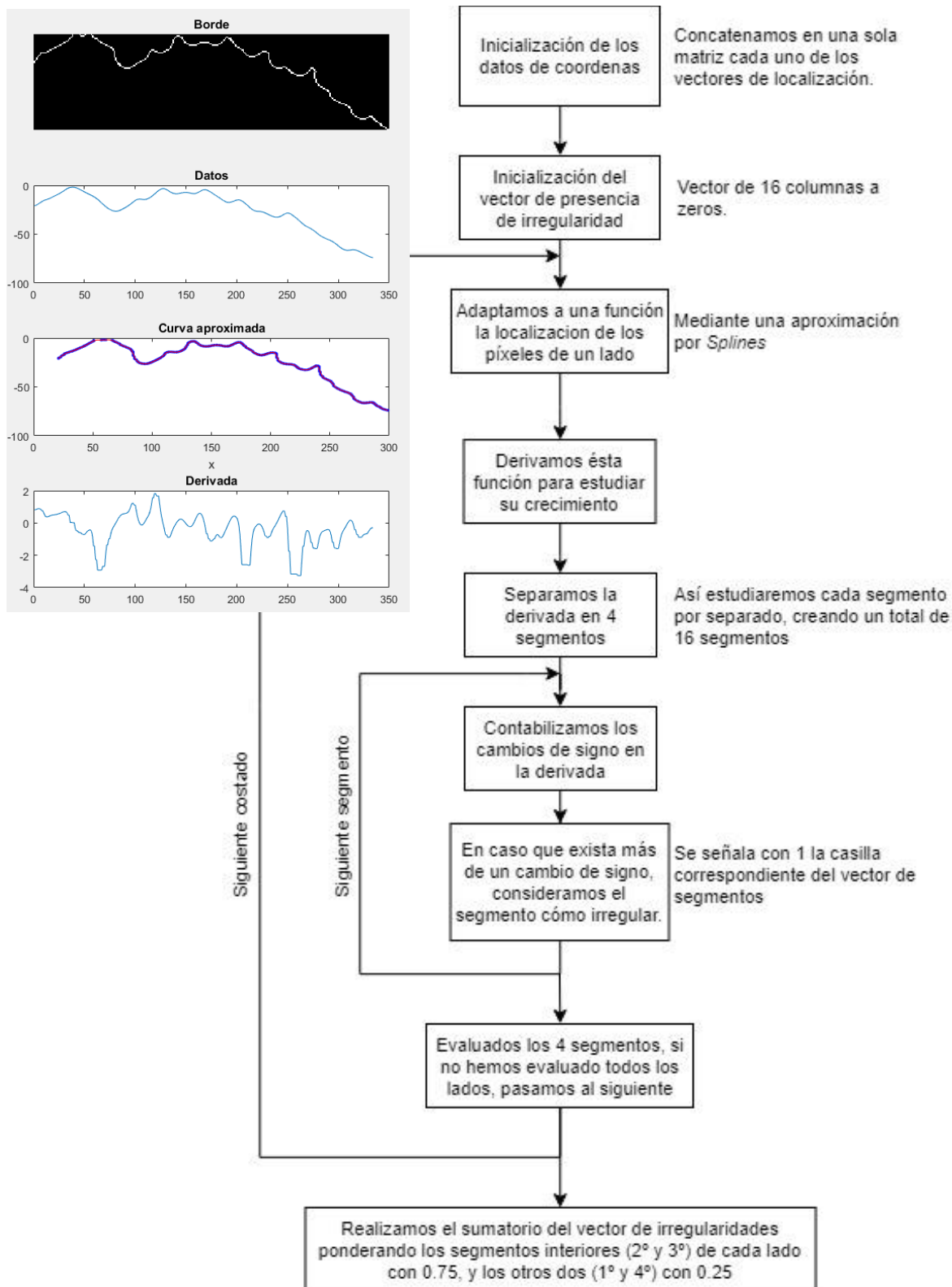


Figura 5.16. Algoritmo del cálculo de la irregularidad de bordes y resumen del proceso de aproximación y derivación.

Finalmente obtenemos un resultado de 0 a 8 con una precisión de 0.25. Será nuestro cuantificador de irregularidad del borde.

Color

Para determinar los parámetros asociados al color se calculará la desviación estándar de los valores de intensidad y tono de la lesión. Sin embargo, para normalizar la medida, procesamos los datos de forma que no se tengan en cuenta los valores más frecuentes en la región sana de la imagen.

Para hacer esto primero obtenemos la zona de piel sana mediante el negativo de la máscara obtenida por segmentación. Desde ahí obtenemos la media de intensidad, y la moda del tono.

Con estos datos, y con la imagen de la lesión recortada por la máscara, realizamos un índice de los píxeles que no cumplen la condición de igualdad con la media o la moda en cada caso. Mediante este índice calculamos la desviación estándar.

Retículo Pigmentado

Para determinar la presencia de retículo pigmentado seguimos el siguiente procesado:

1º Pre-procesado: Aumento del perfilado, filtro laplaciano, selección de canales según ponderación.

2º Filtrado: Aplicamos el filtro laplaciano de Gauss (LOG), con el umbral a 0 genera contornos cerrados sin cruces, y crea una imagen semejante a un mapa de presiones.

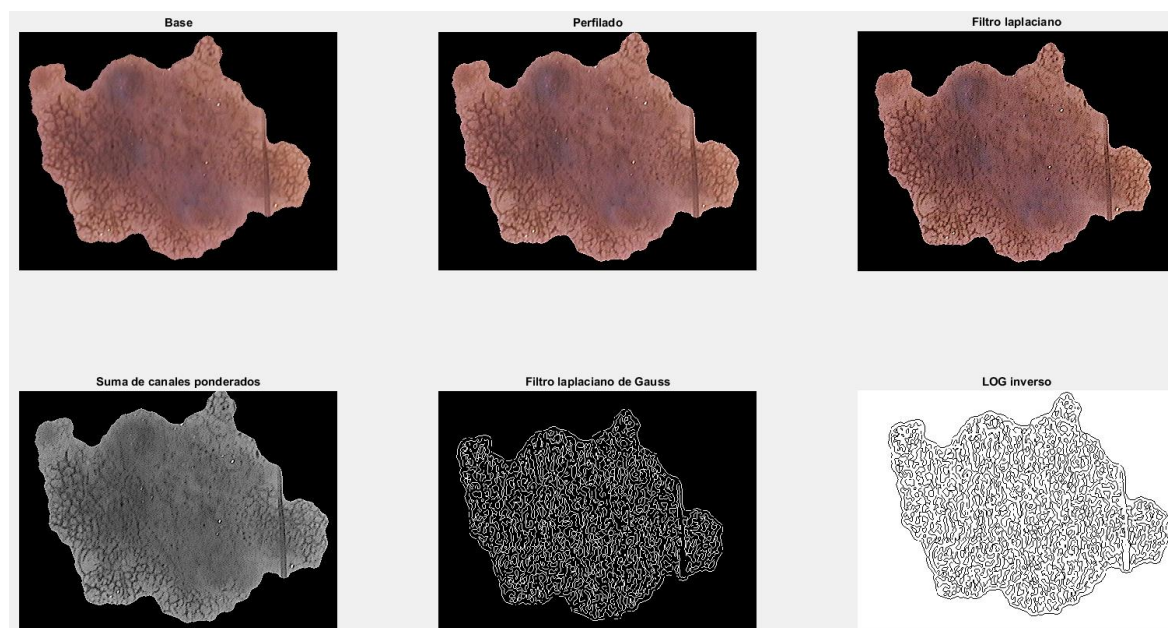


Figura 5.17. Primeros pasos para la obtención del retículo pigmentado.

3º Invertimos la imagen filtrada para obtener los círculos interiores al filtro LOG como objeto.

4º Ahora filtramos cada una de las regiones, primero quitamos las zonas con un área demasiado grande para formar parte de una red. Posteriormente quitamos regiones con una excentricidad notable. Finalmente evaluamos si es más oscuro el interior o el exterior de cada región para quitar estructuras redondas como glóbulos y puntos oscuros.

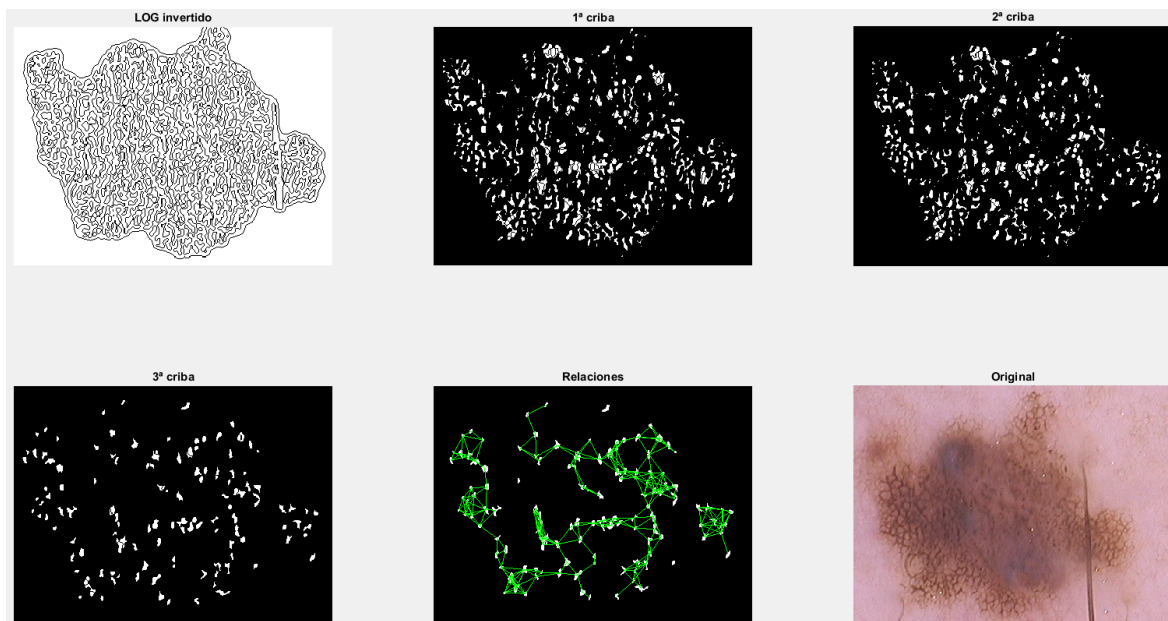


Figura 5.18. Proceso final para la obtención del retículo pigmentado.

5º Realizados estos pasos podemos suponer que las estructuras restantes forman parte de una red si tienen otra estructura lo suficientemente cerca. Para ello creamos un bucle que desde el centroide de cada región calcule la distancia a la que se encuentra el resto. Mediante un umbral de distancia decidimos si se encuentra en rango de otra estructura o no.

6º Encontramos cuántas veces una región esté dentro del rango de otra. Para este propósito nos valemos del sistema de grafos de Matlab. Asociaremos un nodo a cada centroide, y añadiremos una arista entre cada nodo dentro del rango.

Finalmente aplicaremos la siguiente ecuación, obtenida del método [28].

$$density = numedges(G)/(numnodes(G) * \log(get.Area)); \quad (5.3.)$$

Con una densidad mayor a al umbral determinado podemos constatar la presencia de retículo pigmentado.

5.2.3. Bloque final

Algoritmo de clasificación

El algoritmo de clasificación radica en la ponderación de cada parámetro según su determinación y precisión. Condicionamos la ponderación al parámetro de sobreextensión calculado en el apartado de irregularidad de los bordes. Ésta sobreextensión de la lesión fuera de los límites de la imagen indica que el parámetro de asimetría no será tan fiable como en condiciones normales. Por este motivo aplicaremos esta ponderación en caso de existir sobreextensión en alguna de los lados:

$$score = pig_network + flag_col * 3 + irreg * 3 + asym(6) * 2; \quad (5.4.)$$

y esta otra en caso de no existir:

$$score = pig_network + flag_col * 3 + irreg * 3 + asym(6) * 2; \quad (5.5.)$$

Consideramos el umbral de malignidad de la lesión en 4.5, cualquier puntuación superior debe ser considerada como melanoma.

Exposición de resultados

Finalmente creamos una figura de 6 imágenes que resume los procedimientos realizados, así como las puntuaciones de cada parámetro y la clasificación final. Mediante el archivo de datos del *dataset* que usamos, podemos exponer en el display si el diagnóstico definitivo de la lesión la determino maligna o no, y compararlo con nuestro resultado.

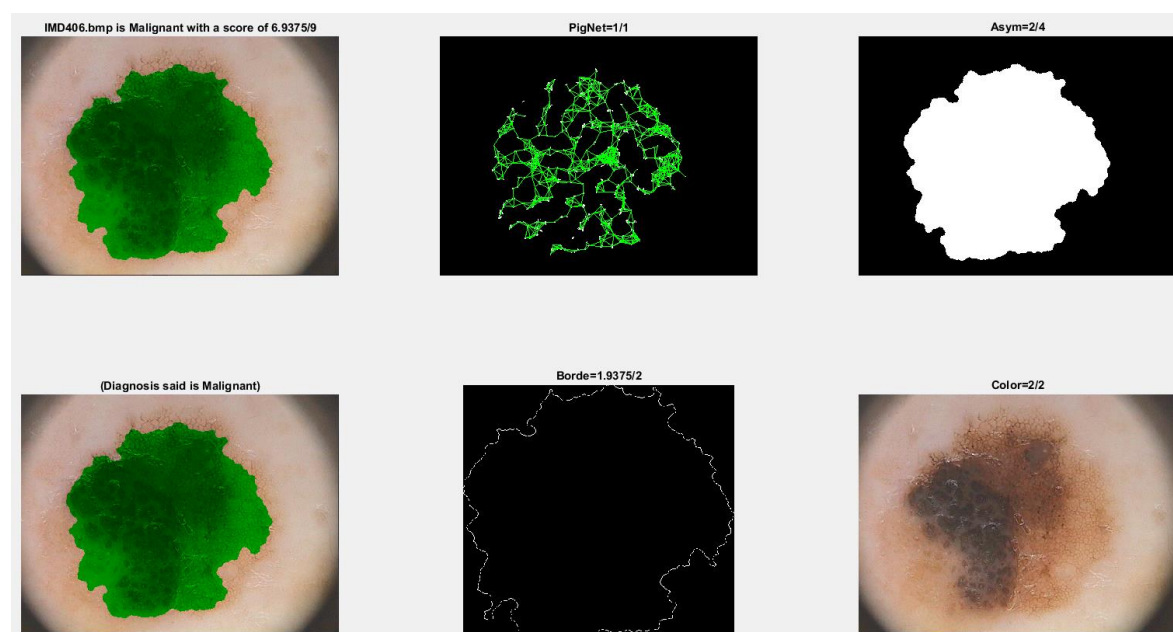


Figura 5.19. Figura display de resultados.

5.3. Guía de usuario

Para el funcionamiento de la aplicación es requerido el programa de Matlab, a ser posible la versión de 2017, con la extensión de *Image Processing Toolbox*. Una vez abierto el archivo *Start.m*, se comprueba que las imágenes que se desean tratar estén en la carpeta designada como *Database* y estén indicadas en el camino del *Workbench*. De este modo al ejecutar el programa, listará en la *Command Window* las imágenes tratadas. Finalmente se abrirán tantos displays como imágenes tratadas.

6. Evaluación de la aplicación.

Para evaluar el funcionamiento de nuestra aplicación, nos hemos valido del archivo *PH2 Dataset* [11]. Un conjunto público de imágenes que combinan 200 lesiones melanocíticas de las cuales 40 son melanomas, 80 son nevus comunes, y el resto son nevus atípicos.

Las imágenes se obtuvieron en el hospital Pedro Hispano (Matosinhos, Portugal) bajo las mismas condiciones usando un *Tuebinger Mole Analyzer* con un aumento de 20x. Se trata de imágenes en RGB 8-bits con una resolución de 768x560.

Posteriormente, para probar si había desviación por cambios de resolución y condiciones se probó en otro set de imágenes. Una porción de 300 imágenes del archivo de dermoscopia ISIC [29] también bajo licencia *Creative Commons*.

En los siguientes apartados trataremos dos tipos de errores:

- Falsos negativos: melanomas clasificados como lesiones no malignas por nuestra aplicación. Se busca reducir estos al mínimo con la máxima prioridad.
- Falsos positivos: lesiones benignas clasificadas como melanoma por nuestro programa. Se han dividido estos en dos grupos (Falso Positivo Atípico y Falso Positivo Común) pues en los *datasets* podemos encontrar lesiones benignas atípicas que dan pie a errores más concebibles que con nevus comunes.
- No computados: Imágenes que no han podido ser evaluadas, normalmente por una segmentación incorrecta.

6.1. Resultados PH2-Dataset

Total, imágenes.	Melanomas	Nevus Comunes	Nevus atípicos	Sensibilidad	Especificidad Estricta (Moderada)
200	40	80	80	97.5%	46.0% (62.5%)

Tabla 6.1. Resultados del análisis del funcionamiento con PH2 dataset.

Un total de 2 imágenes (melanoma y nevus atípico) no han podido ser computadas debido a una incorrecta segmentación.

6.2. Resultados ISIC-Archive

Total, imágenes.	Melanomas	Nevus Comunes	Nevus atípicos	Sensibilidad	Especificidad Estricta (Moderada)
300	58	216	26	88.0%	28.5% (30.0%)

Tabla 6.2. Resultados del análisis del funcionamiento con ISIC-Archive.

Un total de 1 imagen (melanoma) no ha podido ser computada, debido a una incorrecta segmentación.

6.3. Valoración de resultados

Los resultados demuestran la tendencia deseada de obtener una sensibilidad alta. Valorando el primer experimento vemos que la especificidad moderada es suficientemente alta. Teniendo en cuenta que la proporción de nevus atípicos en la muestra es bastante grande, podemos valorar ésta positivamente.

Las lesiones no computadas del primer experimento responden a dos imágenes de baja calidad representativa, la primera muy interferida con pelos de grosor considerable. La segunda debida a que la lesión cubre prácticamente toda la imagen.

Con el segundo experimento podemos ver la estrecha dependencia del código respecto a imágenes de similares condiciones a las del primer *dataset*. Esto puede ser debido a relaciones y umbrales del código que son dependientes de una cantidad determinada de píxeles. Se plantea para ampliaciones futuras adaptar el código para imágenes de todo tipo de resoluciones. La imagen no computada es de una lesión muy descentrada de la imagen y de baja pigmentación que no ha podido ser segmentada correctamente.

7. Análisis del impacto socioambiental

Este proyecto no presenta un impacto ambiental directo pues se trata de un *software* alejado de cualquier necesidad de fabricación o consumo. Sin embargo, si podemos apreciar cierto impacto indirecto que podría darse al implementar este código en dispositivos comerciales o profesionales.

Esta aplicación podría implementarse en diferentes niveles de la cadena de detección del melanoma suponiendo un impacto diferente en cada caso. Por ejemplo, en el caso de su utilización en dispositivos dermatoscópicos comerciales de alquiler o venta en farmacias, podría suponer un aumento del consumo y por ello de fabricación de éstos.

Sin embargo, indiferentemente del nivel de implementación de la aplicación, ésta sería de ayuda en el aumento de la detección precoz del melanoma. Ésta supone una serie de beneficios a nivel social, ambiental y económico, principalmente debidos a la prevención de tratamientos médicos más agresivos con la persona.

Entre la fase 0 y la fase III del melanoma está indicado la extirpación por cirugía menor, no necesita ingreso hospitalario excepto en casos específicos. En cambio, en una detección tardía, fase III-IV, es necesaria la aplicación de radioterapia, inmunoterapia o quimioterapia, estos procedimientos suponen un tratamiento de los efectos secundarios, un seguimiento del tratamiento y, generalmente, la realización de diferentes tipos de pruebas.

Estos procedimientos, imprescindibles en caso de detección tardía, suponen un gasto social considerable de recursos médicos y, en menor medida un gasto ambiental derivado de la fabricación y mantenimiento de material hospitalario.

Conclusiones

En este proyecto se han estudiado el estado de la dermatoscopia, del melanoma y de las diferentes técnicas de tratamiento de la imagen destinadas a la detección del cáncer de piel, finalmente, se ha implementado un código de clasificación de imágenes dermatoscópicas a partir de varias técnicas y métodos novedosos de detección del melanoma.

Los resultados obtenidos tras el análisis del funcionamiento pueden considerarse positivos al satisfacer el planteamiento previo de alta sensibilidad. Sin embargo, han quedado al descubierto varias limitaciones que exponemos seguidamente.

La aplicación esta ligeramente supeditada al set de imágenes de referencia PH2. Esto se basa principalmente en que los parámetros umbral de algunas partes del código están condicionadas por la magnificación de la lesión y la resolución de la imagen, características diferenciales entre PH2 e ISIC. Para poder evitar esta limitación deberíamos disponer de la información correspondiente al aumento de la imagen.

Precisamente en este ámbito se proponen diversas opciones de ampliación del código. Supongamos un aumento de la información contextual de la imagen como podría ser: el instante de captura, la escala de magnificación del dermatoscopio, la localización en el cuerpo de la lesión y un identificador del paciente. Entonces se podría proponer adaptar el código para las siguientes funcionalidades:

- Mantener una memoria de imágenes para comparar su evolución el tiempo.
- Incluir medidas del tamaño de la lesión en función de la resolución, el área de la lesión y la magnificación.
- Llevar un control por pacientes, posiblemente centralizado con el historial clínico de éstos.

Presupuesto

El coste total del proyecto sumaría un total de 9560,00 €. El cálculo de horas dedicadas se ha obtenido sin tener en cuenta el tiempo de aprendizaje del entorno de programación o de las técnicas de procesamiento de la imagen y detección de melanomas. Se ha valorado que, en el caso de tratarse de un proyecto profesional, se establecerían como conocimientos mínimos al margen del contrato. A continuación, el detallado en forma de tabla:

Cargo	Precio por hora	Horas dedicadas	Coste total
Ingeniero técnico	20 €/h	300h	6000 €
Director del proyecto	50 €/h	60h	3000 €

Tabla P.1. Presupuesto de personal detallado.

Material	Coste	Uso	Coste total
Licencia de Matlab	800 por año	6 meses	400 €
Ordenador	800 € cada 5 años	6 meses	160 €

Tabla P.2. Presupuesto material detallado.

Bibliografía

- [1] B. J. Erickson and B. Bartholmai, "Computer-aided detection and diagnosis at the start of the third millennium," *J. Digit. Imaging*, vol. 15, no. 2, pp. 59–68, 2002.
- [2] M. Berwick and C. Wiggins, "The current epidemiology of cutaneous malignant melanoma," *Front. Biosci.*, vol. 11, pp. 1244–1254, 2006.
- [3] Cancer.org, "Survival Rates for Melanoma Skin Cancer by Stage," 2017. [Online]. Available: <https://www.cancer.org/cancer/melanoma-skin-cancer/detection-diagnosis-staging/survival-rates-for-melanoma-skin-cancer-by-stage.html>.
- [4] Europa Press, "El Macarena publica un estudio que demuestra que la teledermatoscopia mejora el diagnóstico del cáncer de piel," 2017.
- [5] K. C. Nischal and U. Khopkar, "Dermoscope Dermoscope Dermoscope Dermoscope Dermoscope," *Indian J Dermatol Venereol Leprol Jul-Aug Indian J Dermatol Venereol Leprol*, vol. 7171, no. 4, pp. 300–3, 2005.
- [6] M. Brenner and V. J. Hearing, "The protective role of melanin against UV damage in human skin," *Photochemistry and Photobiology*, vol. 84, no. 3. pp. 539–549, 2008.
- [7] National Cancer Institute and P. A. T. E. Board, "PDQ Melanoma Treatment," *PDQ Cancer Information Summaries*, 2016. [Online]. Available: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26389388%0Ahttp://www.cancer.gov/types/skin/patient/melanoma-treatment-pdq>.
- [8] C. C. Álvarez, P. Zaballo, S. Puig, J. Malvey, J. M. Mascaró-Galy, and J. Palou, "Correlación histológica en dermatoscopia; lesiones melanocíticas y no melanocíticas. Criterios dermatoscópicos de nevus melanocíticos," *Medicina Cutanea Ibero-Latino-Americana*, vol. 32, no. 2. pp. 47–60, 2004.
- [9] D. Schadendorf, D. E. Fisher, C. Garbe, J. E. Gershenwald, J. J. Grob, A. Halpern, M. Herlyn, M. A. Marchetti, G. McArthur, A. Ribas, A. Roesch, and A. Hauschild, "Melanoma," *Nat. Rev. Dis. Prim.*, vol. 1, 2015.
- [10] K. Korotkov and R. Garcia, "Computerized analysis of pigmented skin lesions: A review," *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 56, no. 2. pp. 69–90, 2012.
- [11] T. Mendonca, P. M. Ferreira, J. S. Marques, A. R. S. Marcal, and J. Rozeira, "PH² - a dermoscopic image database for research and benchmarking," *Conf. Proc. ... Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc. IEEE Eng. Med. Biol. Soc. Annu. Conf.*, vol. 2013, pp. 5437–40, 2013.
- [12] J. Fernández Alcón, C. Ciuhu, W. ten Kate, A. Heinrich, N. Uzunbajakava, G. Krekels, D. Siem, and G. de Haan, "Automatic imaging system with decision support for inspection of pigmented skin lesions and melanoma diagnosis," *IEEE J. Sel. Top. Signal Process.*, vol. 3, no. 1, pp. 14–25, 2009.

- [13] M. E. Celebi, H. A. Kingravi, B. Uddin, H. Iyatomi, Y. A. Aslandogan, W. V. Stoecker, and R. H. Moss, "A methodological approach to the classification of dermoscopy images," *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 31, no. 6, pp. 362–373, 2007.
- [14] R. B. Oliveira, A. S. Pereira, and J. M. R. S. Tavares, "Skin lesion computational diagnosis of dermoscopic images: Ensemble models based on input feature manipulation," *Comput. Methods Programs Biomed.*, vol. 149, pp. 43–53, 2017.
- [15] T. T. Do, T. Hoang, V. Pomponiu, Y. Zhou, C. Zhao, N. M. Cheung, D. Koh, A. Tan, and T. Hoon, "Accessible Melanoma Detection using Smartphones and Mobile Image Analysis," *IEEE Transactions on Multimedia*, 2018.
- [16] A. Halpern, "Computer Assisted Diagnosis," 2017. [Online]. Available: https://dermoscopedi.org/Computer_Assisted_Diagnosis. [Accessed: 01-May-2018].
- [17] Equipo de redactores y equipo de editores médicos de la Sociedad Americana Contra El Cáncer, "¿Cómo se diagnostica el cáncer de piel tipo melanoma?" .
- [18] F. Nachbar, W. Stolz, T. Merkle, A. B. Cognetta, T. Vogt, M. Landthaler, P. Bilek, O. Braun-Falco, and G. Plewig, "The ABCD rule of dermatoscopy," *J. Am. Acad. Dermatol.*, vol. 30, no. 4, pp. 551–559, 1994.
- [19] S. W. Menzies, C. Ingvar, K. A. Crotty, and W. H. McCarthy, "Frequency and morphologic characteristics of invasive melanomas lacking specific surface microscopic features," *Arch. Dermatol.*, vol. 132, no. 10, pp. 1178–1182, 1996.
- [20] C. Rosendahl, A. Cameron, I. McColl, and D. Wilkinson, "Dermatoscopy in routine practice: Chaos and Clues," *Aust. Fam. Physician*, vol. 41, no. 7, pp. 482–487, 2012.
- [21] C. Carrera, M. A. Marchetti, S. W. Dusza, G. Argenziano, R. P. Braun, A. C. Halpern, N. Jaimes, H. J. Kittler, J. Malvehy, S. W. Menzies, G. Pellacani, S. Puig, H. S. Rabinovitz, A. Scope, H. Peter Soyer, W. Stolz, R. Hofmann-Wellenhof, I. Zalaudek, and A. A. Marghoob, "Validity and reliability of dermoscopic criteria used to differentiate nevi from melanoma aweb-based international dermoscopy society study," *JAMA Dermatology*, vol. 152, no. 7, pp. 798–806, 2016.
- [22] M. A. Castillo Martínez, F. J. Gallegos Funes, A. J. Rosales Silva, and R. I. Ramos Arredondo, "Preprocesamiento de imágenes dermatoscópicas para extracción de características Dermoscopic image preprocessing for feature extraction," *Res. Comput. Sci.*, vol. 114, no. 2016, pp. 59–70, 2016.
- [23] M. E. Celebi, H. Iyatomi, and G. Schaefer, "Contrast enhancement in dermoscopy images by maximizing a histogram bimodality measure," in *Proceedings - International Conference on Image Processing, ICIP*, 2009, pp. 2601–2604.
- [24] N. Otsu, "A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms," *IEEE Trans. Syst. Man. Cybern.*, vol. 9, no. 1, pp. 62–66, 1979.
- [25] M. Hossen Bhuiyan, I. Azad, and M. Uddin, "Image Processing for Skin Cancer Features Extraction," *Int. J. Sci. Eng. Res.*, vol. 4, no. 2, pp. 1–6, 2013.

- [26] J. Jaworek-Korjakowska, "Novel method for border irregularity assessment in dermoscopic color images," *Comput. Math. Methods Med.*, vol. 2015, 2015.
- [27] H. Ganster, A. Pinz, R. Röhner, E. Wildling, M. Binder, and H. Kittler, "Automated melanoma recognition," *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 20, no. 3, pp. 233–239, 2001.
- [28] M. Sadeghi, M. Razmara, T. K. Lee, and M. S. Atkins, "A novel method for detection of pigment network in dermoscopic images using graphs," *Comput. Med. Imaging Graph.*, vol. 35, no. 2, pp. 137–143, 2011.
- [29] International Society for Digital Imaging of the Skin, "ISIC - Archive." [Online]. Available: <https://isic-archive.com/#images>.

Annex A

A1. Código completo en inglés.

```

%% Initialization and obtaining of the database
clc %Clears off the comand window.
clear all %Clears all workspace variables.
close all %Closes all opened Matlab windows.
dbinfo = dir('Database 1'); %Obtains directory of properties in Database 1
imgnames = {dbinfo.name}; %Creates a vector containing the names of every file in Database 1
filter = strncmp(imgnames, '.', 1); %Creates a vector with 1 on every file starting with "." (thumbnail files).
indfilter = find(filter==1); %Finds the index where there is thumbnail.
imgnames(indfilter)=[]; % Deletes names of thumbnails.
load('PH2_info.mat'); % Loads table with dataset info
sim=[139:148]; % Specifies which images are to evaluate
not_computable=[]; % Initialization of the vector list of not computable images.

%% For loop for every image
for n=sim %For duration established with sim
    try %Executes code, if it gives an error it considers the image as not computable.
        % Obtaining each image to evaluate.
        cellname=imgnames(n); %Obtains cell that contains image name.
        name=cellname{1}; %Establishes name of the image to evaluate.
        image = imread(name); %It reads the image.
        name %It shows which image is processing.

        %% Initializations of the geometric forms that will be used.
        d2= strel('disk',2,0); % 2 pixel radi disk
        d8= strel('disk',8,0); % 8 pixel radi disk
        d12= strel('disk',12,0); % 12 pixel radi disk

        %% Obtaining of RGB and HSV channels.
        %Converts RGB image into gray scale and HSV.
        hsv_image = rgb2hsv(image);
        gs_image = rgb2gray(image);
        %Separetes every channel of RGB and HSV images
        Hue = hsv_image(:,:,1);
        Sat = 1 - hsv_image(:,:,2); %Saturation is most useful when inversed.
        Ilu = hsv_image(:,:,3);
        Red = image(:,:,1);
        Green = image(:,:,2);
        Blue = image(:,:,3);

        %% Channel superposition and preprocessing.
        counts = imhist(Red,256); %Aplying Otsu's method to Red channel
        p = counts / sum(counts);
        omega = cumsum(p);
        mu = cumsum(p .* (1:256)');
        mu_t = mu(end);
        sigma_b_squaredR = (mu_t * omega - mu).^2 ./ (omega .* (1 - omega));
        maxvalR = string(max(sigma_b_squaredR)); %Obtains maximum value of variance.

        counts = imhist(Blue,256); %Aplying Otsu's method to Blue channel
        p = counts / sum(counts);
        omega = cumsum(p);
        mu = cumsum(p .* (1:256)');
        mu_t = mu(end);
        sigma_b_squaredB = (mu_t * omega - mu).^2 ./ (omega .* (1 - omega));
        maxvalB = string(max(sigma_b_squaredB)); %Obtains maximum value of variance.

        if max(sigma_b_squaredB) < 375 && max(sigma_b_squaredB) < max(
(sigma_b_squaredR) %Comparing both values determine which superposition adopt

```

```

        Fus1 = ((double(Green))/255) + Ilu)/2; %Joining iluminance and green
channels
        Fus2 = (Fus1 + (double(Red))/255)/2; %(1/2 Blue)+(1/4 Iluminance)+(1/4
Green)
        else
            Fus1 = (Sat + Ilu)/2; %Joining saturation and iluminance channels
            Fus2 = (Fus1 + (double(Blue))/255)/2; %(1/2 Red)+(1/4 Iluminance)+(1/4
Saturation)
        end

        %% Gradient mask for homogenizing the healthy skin
        sz = size(Fus2); %Obtains size of image
        deg1 = zeros(sz); %Base matrix of zeros
        deg2 = deg1; %Copies the above matrix
        lim1 = size(Fus2,1)/2; %Establishing limits of the gradient. Half the image
size.
        lim2 = size(Fus2,2)/5; %Establishing limits of the gradient. One fifth of the
image size.
        for t=1:lim1 %Loop that obscurizes the top row with 0.1 points and decrease
its intensity as it goes down.
            deg1(t,:)=0.1-0.1*(t/lim1);
        end
        for t=1:lim2 %Loop that obscurizes both side columns with 0.1 points and
decrease its intensity as it goes to the center .
            deg2(:,sz(2)-t)=0.1-0.1*(t/lim2);
            deg2(:,t)=0.1-0.1*(t/lim2);
        end
        Fus3 = Fus2+deg1+deg2; % Apply both gradients to new image

        %% Corner deleting mask
        bin_image = ~imbinarize(gs_image); %Roughly binarization through Otsu's method
        bin_imaget = imopen(bin_image,d12); %Open operation in order to separate lesion
from corners
        bin_imaget(round(sz(1)/2),:) = 0; %Vertical line that separates left and right
corners
        bin_imaget(:,round(sz(2)/2)) = 0; %Horizontal line that separets upper and lower
corners

        BW1 = bwselect(bin_imaget,10,10); % Each line obtains the region of each
corner in order to
        BW2 = bwselect(bin_imaget,10,sz(1)-10); %evaluate whether it has been a good
procedure or not
        BW3 = bwselect(bin_imaget,sz(2)-10,10);
        BW4 = bwselect(bin_imaget,sz(2)-10,sz(1)-10);

        chamfer=round(sz(1)/6); % Quantity of corner to delete in case the above
procedure fails
        if bwarea(BW1)>40000 %If the region is too big, it is considered a failure as
it probably absorbed some part of the lesion.
            BW1=zeros(sz);
            for p=0:(chamfer-1) %This loop marks with a one the corner upper left
right
                BW1(1:(chamfer-p)*2,(p+1))=1;
            end
        end

        if bwarea(BW2)>40000
            BW2=zeros(sz);
            for p=0:(chamfer-1) %This loop marks with a one the corner lower left
                BW2(sz(1)+(p-chamfer)*2:sz(1),p+1)=1;
            end
        end
    end
end

```

```

        end
    end

    if bwarea(BW3)>40000
        BW3=zeros(sz);
        for p=0:(chamfer-1) %This loop marks with a one the corner upper right
            BW3(1:(chamfer-p)*2,sz(2)-p)=1;
        end
    end

    if bwarea(BW4)>40000
        BW4=zeros(sz);
        for p=0:(chamfer-1) %This loop marks with a one the corner upper left
            BW4(sz(1)+(p-chamfer)*2:sz(1),sz(2)-p)=1;
        end
    end

    BW5 = BW1+BW2+BW3+BW4; %It joins the four masks together

    IM1 = Fus3.*~BW5; %Applying the mask to previous image

    %% Enhancing image
    V = var(var(IM1)); %It calculates variance of the image
    if V < 3e-5 %If it is poorly contrasted
        IM1 = imfilter(IM1, ones(5,5)/25); %We apply enhancing, this filters noise
        IM1 = imadjust(IM1); %This line adjusts contrast.
    end

    %% Binarization
    histIM1 = imhist(IM1,256); %Calculalates image histogram.
    histIM1(1:50)=0; %It does not count too dark pixels
    histIM1(250:256)=0; % Too highly lighted ones neither.
    histIM2 = imfilter(histIM1, ones(25,1)/25); %It filters histogram to create a
curve without noise.
    %Next function finds the two greatest peaks with an acceptable
    %prominance and 25 points between them.
    [histmax imax wmax pmax]=findpeaks
(histIM2, 'SortStr', 'descend', 'MinPeakProminence', 10, 'MinPeakDistance', 25, 'NPeaks', 2);
    histIM2(1:min(imax))=0; %It cuts the curve between both maximums
    histIM2(max(imax):256)=0;
    [histmin imin w p] = findpeaks(-1
*histIM2, 'SortStr', 'descend', 'MinPeakDistance', 25, 'NPeaks', 1); %With negated curve we
find the minimum between two maximums.
    if imin>0 %If a minimum has been found we consider it for binarization
threshold.
        level = (otsuthresh(histIM1)+imin/255)/2;
    else %In case not, we find it via otsu's method.
        level = otsuthresh(histIM1);
    end

    bin_image1 = ~imbinarize(IM1,level); %Binarization via previously calculated
threshold.

    %% Post-segmentation enhancing
    mask = logical(bin_image1 .* ~BW5); %It deletes corners of the image
    mask1 = imopen(mask,d2); %Close procedure (adding and subtracting d2)
    mask2 = imclose(mask1,d8); %Open procedure (subtracting and adding d8)
    mask3 = imclearborder(mask2); %Deletes errors around the corners
    if sum(sum(mask3)) < 25000 %In case above operation fails (it may delete
entire lesion)

```

```

        mask3 = mask2; %Returns a step before the process
    end
    mask4 = imfill(mask3,'holes');%Fills the holes in the image
    mask5 = imopen(mask4,d8);%Close procedure (adding and subtracting d8)
    mask6 = bwareafilt(mask5,1);%It deletes all regions except de greatest one
    I=(255-gs_image) .* uint8(mask6);%It applies final mask to the gray scale
image.

%% Obtaining assymetry variables
% Regionprops obtains differents features of the lesion
get=regionprops
(mask6,'Image','Orientation','centroid','Area','ConvexArea','BoundingBox','Perimeter','
'Eccentricity','MajorAxisLength','MinorAxisLength','Solidity');
TotalArea=get.Area;%Pixel quantity of the lesion
TotalPerimeter=get.Perimeter;%Pixel quantity of the perimter of the lesion
Centroids = cat(1, get.Centroid);%binary centroid coordinates
get1=regionprops(mask6,I,'WeightedCentroid');
wCentroids = cat(1, get1.WeightedCentroid);%Pixel intensity weighted Centroid

%% Obtaining vertical and horizontal assymetry
I2=get.Image; %Cuts out the image
I2=imrotate(I2,90-get.Orientation);%Rotates it in order to set the ellipse
straight
get2=regionprops(I2,'Centroid');%It obtains centroids spot
cent=get2.Centroid;
sz1=size(I2);%Obtains image size
%
I2_1=imcrop(I2,[0 0 cent(2) sz1(1)]);%Crops left part until centroid
I2_2=imcrop(I2,[cent(1) 0 sz1(2) sz1(1)]);%Crops right part til centroid
I2_3=imcrop(I2,[0 0 sz1(2) cent(1)]);%Crops upper part
I2_4=imcrop(I2,[0 cent(2) sz1(2) sz1(1)]);%Crops lower part

I2_2=flip(I2_2,2);%It flips the image
dif=size(I2_2)-size(I2_1);%Corrects differences in size if there are:
if dif(2)<0
    I2_2=imtranslate(I2_2,[-dif(2) 0],'FillValues',0,'OutputView','full');
else
    I2_1=imtranslate(I2_1,[dif(2) 0],'FillValues',0,'OutputView','full');
end

I2_4=flip(I2_4,1);
dif=size(I2_4)-size(I2_3);%Corrects differences in size if there are:
if dif(1)<0%
    I2_4=imtranslate(I2_4,[0 -dif(1)],'FillValues',0,'OutputView','full');
else %These operations moves the part necessary to make sizes equal
    I2_3=imtranslate(I2_3,[0 dif(1)],'FillValues',0,'OutputView','full');
end

Idif=xor(I2_1,I2_2);
Idif2=xor(I2_3,I2_4);%Disparity image
get3=regionprops(Idif,'Area');%It results in an area
get4=regionprops(Idif2,'Area');
areas(1)=sum(cat(1, get3.Area)); %This joins them together.
areas(2)=sum(cat(1, get4.Area));
areas=areas./TotalArea; %Normalizes values

%% Getting the parameters
asym(1)=get.Solidity;%Solidity
asym(2)=(sum((Centroids-wCentroids).^2))^(1/2);% Distance between centroids
asym(3)=4*pi*TotalArea/TotalPerimeter^2;%Circularity

```



```

    asym(4)=min(areas);% minimum disparity
    asym(5)=get.Eccentricity;% Eccentricity
    asym(6)=0;% Final total assymetry

    %% Assymetry thresholds
    if asym(1)<0.928 asym(6)=asym(6)+0.2;end
    if asym(2)>5.445 asym(6)=asym(6)+0.2;end
    if asym(3)<0.684 asym(6)=asym(6)+0.1;end
    if asym(4)>0.120 asym(6)=asym(6)+0.4;end
    if asym(5)>0.688 asym(6)=asym(6)+0.1;end

    %% Contourns adquisition
    maskb= bwareafilt(mask4,1); %Less treated mask to avoid losing info
    maskrop=imcrop(maskb,[get.BoundingBox(1),get.BoundingBox(2),get.BoundingBox
(3),get.BoundingBox(4)]);%Cutting the lesion
    bordes = edge(maskrop);%I gets the countorn
    szb=size(bordes);

    %% Obtenció de la vora superior, inferior, dreta i esquerra
    tri1 = poly2mask([0 0 szb(2)], [0 szb(1) szb(1)], szb(1), szb(2));%Binary image
triangle
    tri2 = poly2mask([szb(2) szb(2) 0 ], [0 szb(1) szb(1)], szb(1), szb(2));%Inverted
diagonals with above
    masktop=(imcomplement(tri1)).*(imcomplement(tri2));%Joining both mask and
complement them
    maskbot=tri1.*tri2;% returns masks corresponding to all four sides of the
image
    maskrig=imcomplement(tri1).*tri2;
    masklef=tri1.*imcomplement(tri2)
    top=masktop.*bordes;%Applying the masks to divide the border into 4 images.
    bot=maskbot.*bordes;
    rig=maskrig.*bordes;
    lef=masklef.*bordes;
    bro(1:16)=1; %This serves as a sensor of whether a border is not in place
    if bwarea(top)<szb(2)/3% In case there is not, it must be cause lesion is too
big
        bro(1:4)=0;
    end
    if bwarea(bot)<szb(2)/3
        bro(5:8)=0;
    end
    if bwarea(rig)<szb(1)/3
        bro(9:12)=0;
    end
    if bwarea(lef)<szb(1)/3
        bro(13:16)=0;
    end

    %% Procedure to obtain all the info about the border
    toppx=regionprops(top,'PixelList');%It obtains list of pixels in the border
    botpx=regionprops(bot,'PixelList');
    rigpx=regionprops(rig,'PixelList');
    lefpx=regionprops(lef,'PixelList');
    %Reorganizing of y locations in order to get all the border data
    %into one vector.
    riglist=sortrows(rigpx.PixelList,2);
    leflist=sortrows(lefpx.PixelList,2);
    toppxx=toppx.PixelList(:,1);
    toppxy=toppx.PixelList(:,2);
    botpxx=botpx.PixelList(:,1);

```

60

```

finds index where pixels are different to average ilu
    Index2=find((hlesion~=0) & (hlesion~=meanhskin));%fins index where pixels does
not have mode value.

    hue_ind=std(double(hlesion(Index2))); %It calculats std
    ilu_ind=std(double(ilesion(Index1)));
    %Finally we obtain variaton of color parameter flag_col
    if hue_ind>5 flag_col=0.5; elseif hue_ind>2.5 flag_col=0.25; else flag_col=0;
end
    if ilu_ind>15 flag_col=flag_col+0.5; elseif ilu_ind>10 flag_col=flag_col+0.25;
else flag_col=flag_col; end

    %% Pigmented Network
    % Enhancing techniques
    imagecut=image.*uint8(mask6);
    imagesh = imsharpen(imagecut);
    lapl = fspecial('laplacian',0.2);
    imagelapl = imfilter(imagecut,lapl);
    imagepro=imagesh-imagelapl;
    imagelle = 0.299.*imagepro(:, :,1) + 0.587.*imagepro(:, :,2) + 0.114.*imagepro
(:, :,3);
    % LOG filter applied
    imagelog = ~edge(imagelle,'log',0);
    ConecComp = bwconncomp(imagelog,4);
    %We now have a lot of white little regions
    forms=regionprops(ConecComp, 'PixelIdxList', 'Area');
    for comp=1:length(forms)
        if forms(comp).Area > 60 %This eliminates big regions
            imagelog(forms(comp).PixelIdxList) = 0;
        end
    end
    ConecComp = bwconncomp(imagelog,4);
    forms=regionprops(ConecComp, 'Eccentricity', 'PixelIdxList');
    for comp=1:length(forms)
        if forms(comp).Eccentricity > 0.95 %This eliminates regions with strnge
forms
            imagelog(forms(comp).PixelIdxList) = 0;
        end
    end
    ConecComp = bwconncomp(imagelog,4);
    forms=regionprops(ConecComp, 'PixelIdxList', 'Image', 'BoundingBox');

    for comp=1:length(forms)
        img_bin=forms(comp).Image;
        img_edg=bwperim(img_bin,4);
        img_gsc=imcrop(Yop,forms(comp).BoundingBox);
        mean_inside=mean(img_gsc(find(img_bin)));
        mean_outside=mean(img_gsc(find(img_edg)));
        if mean_inside>=mean_outside
            imagelog(forms(comp).PixelIdxList)=0; %These eliminates regions where
border is lighter than center
        end
    end

    figure;
    subplot(2,3,2), imshow(imagelog); %This blocks are just to make the image in
the display
    hold on %

```

```

%Next loop functioning is basically an iteration that looks for
%pairs of regions that are within a short distance.
%Then gives them an edge.
ConecComp = bwconncomp(imagelog,4);
forms=regionprops(ConecComp,'Centroid');
table=zeros(length(forms));
for comp1=1:length(forms)
    x_cent1=forms(comp1).Centroid(1);
    y_cent1=forms(comp1).Centroid(2);
    for comp2=1:length(forms)
        if comp2~=comp1
            x_cent2=forms(comp2).Centroid(1);
            y_cent2=forms(comp2).Centroid(2);
            d=sqrt((x_cent1-x_cent2)^2+(y_cent1-y_cent2)^2);
            if d < 30
                table(comp1,comp2)=1;
                line([x_cent1 x_cent2],[y_cent1 y_cent2],'color','g');
            end
        end
    end
end

G = graph(table); %Creates a table to be able to do this.
density = numedges(G)/(numnodes(G)*log(get.Area));

if density > 0.2
    pig_network=1;
else
    pig_network=0;
end

title(strcat('PigNet=',num2str(pig_network),'/1'));
hold off

%% Punctuation system
if sum(bro)==16 %This is not 16 when the lesion is too big to fit into image
    score=pig_network+flag_col*2+irreg*2+asym(6)*4;
else
    score=pig_network+flag_col*3+irreg*3+asym(6)*2;
end

if PH2_info.(1){name,1}=="ME" %This contains real diagnosis of the image
    diag="Malignant";
else
    diag="Not Malignant";
end

if score > 4.5 % Determines malignicity
    hipo="Malignant";
else
    hipo="Not Malignant";
end

resultado=strcat(name," score is ",num2str(score),"/8");

%% Representation
GreenMask = cat(3,~mask6,ones(sz),~mask6); %Turns mask in a green
transparency.
imasked6 = im2double(image) .* GreenMask;

%Displays a figure

```



```
        subplot(2,3,1), imshow(imasked6);title(strcat(name," is ", hipo," with a score✓
of ", num2str(score), "/9"));
        subplot(2,3,3), imshow(mask6);title(strcat('Asym=',num2str(asy(6)*4),"/4"));
        subplot(2,3,4), imshow(imasked6);title(strcat("(Diagnosis said is ",↵
diag,")"));
        subplot(2,3,5), imshow(bordes);title(strcat('Borde=',num2str(irreg*2),"/2"));
        subplot(2,3,6), imshow(image);title(strcat('Color=',num2str(flag_col*2), "↵
/2"));

        catch
            'Image not computable'
            not_computable=cat(1,not_computable,name); %This vector contans all non✓
computable images in every run.
        end

    end
```